(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2023년08월21일
(11) 등록번호 10-2569133
(24) 등록일자 2023년08월17일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 16/28 (2006.01) *A61K 39/00* (2006.01)
A61P 35/00 (2006.01) *C07K 16/18* (2006.01)
(52) CPC특허분류
C07K 16/2809 (2013.01)
A61P 35/00 (2018.01)
(21) 출원번호 10-2022-7038646(분할)
(22) 출원일자(국제) 2018년10월12일
심사청구일자 2022년12월01일
(85) 번역문제출일자 2022년11월03일
(65) 공개번호 10-2022-0153683
(43) 공개일자 2022년11월18일
(62) 원출원 특허 10-2022-7025317
원출원일자(국제) 2018년10월12일
심사청구일자 2022년07월21일
(86) 국제출원번호 PCT/US2018/055659
(87) 국제공개번호 WO 2019/075359
국제공개일자 2019년04월18일
(30) 우선권주장
62/572,381 2017년10월13일 미국(US)
(56) 선행기술조사문헌
US09708412 B2*
WO2017031104 A1*
*는 심사관에 의하여 인용된 문헌

(73) 특허권자
하푼 테라퓨틱스, 인크.
미국 94080 캘리포니아주 사우스 샌 프란시스코 오이스터 포인트 불러바드 131 스위트 300
(72) 발명자
베쉐 홀거
미국 94080 캘리포니아주 사우스 샌프란스시코 오이스터 포인트 불러바드 131 스위트 300
레먼 브라이언 디
미국 94080 캘리포니아주 사우스 샌프란스시코 오이스터 포인트 불러바드 131 스위트 300
오스틴 리차드 제이
미국 94080 캘리포니아주 사우스 샌프란스시코 오이스터 포인트 불러바드 131 스위트 300
(74) 대리인
김진희, 김태홍

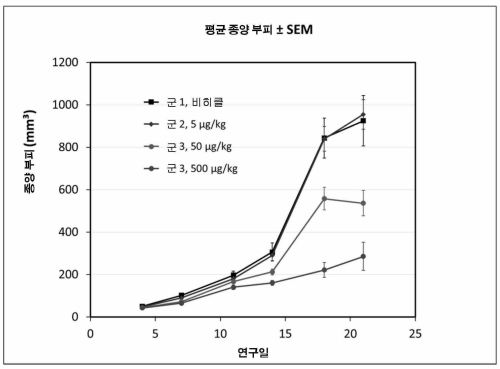
전체 청구항 수 : 총 17 항 심사관 : 김종호

(54) 발명의 명칭 **삼중특이적 단백질 및 사용 방법**

(57) 요 약

본원은 CD3에 결합하는 도메인, 반감기 연장 도메인 및 B 세포 성숙 물질(BCMA)에 결합하는 도메인을 포함하는 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 제공한다. 이의 약학 조성물뿐만 아니라, 이러한 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 제조하기 위한 핵산, 재조합 발현 벡터 및 숙주 세포도 제공한다. 질환, 질병 및 장애의 예방 및/또는 치료에 있어서 개시된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 사용하는 방법도 개시된다.

대 표 도 - 도30



(52) CPC특허분류
C07K 16/18 (2013.01)
C07K 16/2878 (2013.01)
A61K 2039/505 (2013.01)
C07K 2317/21 (2013.01)
C07K 2317/24 (2013.01)
C07K 2317/31 (2013.01)
C07K 2317/73 (2013.01)

명 세 서

청구범위

청구항 1

대상체에서 B 세포 성숙 물질(BCMA) 관련 암을 치료하기 위한, BCMA 결합 삼중특이적 단백질을 포함하는 약학 조성물로서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은

(a) 인간 CD3에 특이적으로 결합하는 단일 쇄 가변 단편(scFv)인 제1 도메인(A);

(b) 인간 혈청 알부민 단백질에 특이적으로 결합하는 단일 도메인 항체인 제2 도메인(B); 및

(c) 서열번호 468의 서열을 포함하는 인간 BCMA에 특이적으로 결합하는 단일 도메인 항체인 제3 도메인(C)

을 포함하고, 제3 도메인은 상보성 결정 영역 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함하고, CDR1은 서열번호 76의 아미노산 서열을 포함하고, CDR2는 서열번호 190의 아미노산 서열을 포함하고, CDR3은 서열번호 304의 아미노산 서열을 포함하고;

제1 도메인, 제2 도메인 및 제3 도메인은 독립적으로 인간화된 것인, 약학 조성물.

청구항 2

제1항에 있어서, 제3 도메인은 하기 식을 포함하는 것인, 약학 조성물:

f1-r1-f2-r2-f3-r3-f4

상기 식에서, r1은 CDR1이고; r2는 CDR2이고; r3은 CDR3이고; f1, f2, f3 및 f4는 상기 단백질이 서열번호 346 또는 서열번호 598로 기재된 아미노산 서열과 약 80% 내지 약 99% 동일하도록 선택되는 프레임워크 잔기이다.

청구항 3

제3항에 있어서, f1은 서열번호 461 또는 462를 포함하고, f2는 서열번호 463을 포함하고, f3은 서열번호 464 또는 465를 포함하고, f4는 서열번호 466 또는 467을 포함하는 것인, 약학 조성물.

청구항 4

제1항에 있어서, 제3 도메인은 서열번호 383의 아미노산 서열을 포함하는 것인, 약학 조성물.

청구항 5

제1항에 있어서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 대상체에게 투여되는 경우, 적어도 12시간, 적어도 20시간, 적어도 25시간, 적어도 30시간, 적어도 35시간, 적어도 40시간, 적어도 45시간, 적어도 50시간 또는 적어도 100시간의 제거 반감기를 갖고, 상기 대상체는 인간인, 약학 조성물.

청구항 6

제1항에 있어서, 제3 도메인은 BCMA의 세포외 도메인에 결합하는 것인, 약학 조성물.

청구항 7

제1항에 있어서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 520의 서열을 포함하는 것인, 약학 조성물.

청구항 8

제1항에 있어서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 링커 L1 및 L2를 추가로 포함하고, 상기 단백질의 도메인들은 순서 H_2N-(A)-L1-(C)-L2-(B)-COOH, H_2N-(B)-L1-(A)-L2-(C)-COOH, H_2N-(C)-L1-(B)-L2-(A)-COOH, H_2N-(C)-L1-(A)-L2-(B)-COOH, H_2N-(A)-L1-(B)-L2-(C)-COOH 또는 H_2N-(B)-L1-(C)-L2-(A)-COOH로 연결되는 것인, 약학 조성물.

청구항 9

제8항에 있어서, 상기 도메인들은 순서 H_2N-(C)-L1-(B)-L2-(A)-COOH로 연결되는 것인, 약학 조성물.

청구항 10

제9항에 있어서, 링커 L1 및 L2는 각각 독립적으로 $(GS)_n$(서열번호 472), $(GGS)_n$(서열번호 473), $(GGGS)_n$(서열번호 474), $(GGSG)_n$(서열번호 475), $(GGSGG)_n$(서열번호 476), $(GGGGS)_n$(서열번호 477), $(GGGGG)_n$(서열번호 478) 또는 $(GGG)_n$(서열번호 479)이고, 이때 n은 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 또는 10인, 약학 조성물.

청구항 11

제1항에 있어서, 상기 단백질은 대상체에 투여되었을 때 적어도 12시간의 제거 반감기를 갖는, 약학 조성물.

청구항 12

제1항에 있어서, 상기 단백질은 대상체에 투여되었을 때 적어도 25시간의 제거 반감기를 갖는, 약학 조성물.

청구항 13

제1항에 있어서, 상기 단백질은 대상체에 투여되었을 때 적어도 50시간의 제거 반감기를 갖는, 약학 조성물.

청구항 14

제1항에 있어서, 상기 단백질은 대상체에 투여되었을 때 적어도 100시간의 제거 반감기를 갖는, 약학 조성물.

청구항 15

제1항에 있어서, 상기 BCMA 관련 암은 B 세포 계통암을 포함하는 것인, 약학 조성물.

청구항 16

제1항에 있어서, 상기 B 세포 계통암은 다발성 골수종, 백혈병, 림프종 또는 이들의 전이를 포함하는 것인, 약학 조성물.

청구항 17

대상체에서 B 세포 성숙 물질(BCMA) 관련 암을 치료하기 위한, 단일 도메인 BCMA 결합 단백질을 포함하는 약학 조성물로서,

상기 단일 도메인 BCMA 결합 단백질은 상보성 결정 영역 CDR1, CDR2 및 CDR3를 포함하고;

상기 CDR1은 서열번호 76의 아미노산 서열을 포함하고, 상기 CDR2는 서열번호 190의 아미노산 서열을 포함하고, 상기 CDR3은 서열번호 304의 아미노산 서열을 포함하고,

상기 BCMA 결합 단백질은 서열번호 383의 아미노산 서열과 80% 내지 99% 동일한 것인, 약학 조성물.

청구항 18

삭제

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] **교차참조**

[0002] 본원은 전체적으로 본원에 참고로 도입된, 2017년 10월 13일에 출원된 미국 가출원 제62/572,381호의 이익을 주장한다.

[0003] **서열목록**

[0004] 본원은 ASCII 포맷으로 전자적으로 제출되었고 전체적으로 본원에 참고로 도입된 서열목록을 함유한다. 2018년 10월 11일에 생성된 상기 ASCII 사본은 명칭이 47517-723_601_SL.txt이고 크기가 752,020 바이트이다.

배 경 기 술

[0005] 암은 관상 동맥 질환 다음으로 인간 사망의 두 번째 주원인이다. 세계적으로, 매년 수백만 명의 사람들이 암으로 인해 사망한다. 미국에서만, 암은 해마다 대략 1백만 4천 명의 신규 사례가 진단되면서 매년 50만 명을 훌쩍 넘는 사람들의 사망을 야기한다. 심장 질환으로 비롯된 사망은 상당히 감소하는 반면, 암으로부터 비롯된 사망은 일반적으로 증가하고 있다. 다음 세기의 초반부에서, 암은 사망의 주원인이 될 것으로 예측된다.

[0006] 더욱이, 초기에 그의 원발성 암으로부터 생존한 암 환자들조차도 그들의 삶이 현저히 변경된다는 공통된 경험이 확인되었다. 많은 암 환자들은 재발 또는 치료 실패 가능성을 인지함으로써 유발된 강한 불안을 경험한다. 많은 암 환자들은 치료 후 상당한 신체적 쇠약을 경험한다.

[0007] 일반적으로 말하면, 가장 치명적인 암들의 관리에 있어서 근본적인 문제는 효과적인 무독성 전신 요법의 결여이다. 암은 제어되지 않는 세포 생장을 유발하는 유전 돌연변이를 특징으로 하는 복잡한 질환이다. 암 세포는 모든 유기체들에 존재하고, 이의 과도한 생장은 정상 환경 하에서 다양한 생리학적 인자들에 의해 엄격히 조절된다.

발명의 내용

[0008] 개별 세포 또는 특정 세포 유형의 선택적 파괴는 종종 다양한 임상적 환경에서 바람직하다. 예를 들면, 건강한 세포 및 조직을 온전한 무손상 상태로 남기면서 종양 세포를 특이적으로 파괴하는 것은 암 요법의 일차 목적이다. 한 이러한 방법은 종양에 대한 면역 반응을 유도함으로써, 면역 이펙터 세포, 예컨대, 천연 킬러(NK) 세포 또는 세포독성 T 림프구(CTL)가 종양 세포를 공격하여 파괴하게 만드는 것이다.

[0009] 본원은 (a) 인간 CD3에 특이적으로 결합하는 제1 도메인(A); (b) 반감기 연장 도메인인 제2 도메인(B); 및 (c) B 세포 성숙 물질(BCMA)에 특이적으로 결합하는 제3 도메인(C)을 포함하는 BCMA 결합 삼중특이적 단백질로서, 상기 도메인들이 순서 H2N-(A)-(C)-(B)-COOH, H2N-(B)-(A)-(C)-COOH, H2N-(C)-(B)-(A)-COOH, H2N-(C)-(A)-(B)-COOH, H2N-(A)-(B)-(C)-COOH 또는 H2N-(B)-(C)-(A)-COOH로 연결되고, 상기 도메인들이 링커 L1 및 L2에 의해 연결된 것인 BCMA 결합 삼중특이적 단백질을 제공한다.

[0010] 일부 경우, 제1 도메인은 가변 경쇄 도메인 및 가변 중쇄 도메인을 포함할 수 있고, 이들 각각은 인간 CD3에 특이적으로 결합할 수 있다. 제1 도메인은 인간화된 또는 인간 도메인일 수 있다.

[0011] 일부 경우, 제2 도메인은 알부민에 결합한다. 제2 도메인은 단일 쇄 가변 단편(scFv), 가변 중쇄 도메인(VH), 가변 경쇄 도메인(VL), 경쇄를 결여한 단일 쇄 항체 결합 도메인(VHH 도메인), 펩타이드, 리간드 또는 소분자를 포함할 수 있다.

[0012] 일부 경우, 제3 도메인은 BCMA에 특이적으로 결합하는 경쇄를 결여한 단일 쇄 항체 결합 도메인(VHH 도메인), scFv, VH 도메인, VL 도메인, 비-Ig 도메인, 리간드, 노틴(knottin), 또는 소분자 독립체이다. 일부 비한정적 경우, 제3 도메인은 VHH 도메인을 포함한다.

[0013] 본원은 VHH 도메인이 상보성 결정 영역 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함하고, 이때 (a) CDR1의 아미노산 서열이 $X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7PX_8G$(서열번호 1)로 기재된 바와 같고, 이때 X_1이 T 또는 S이고; X_2가 N, D 또는 S이고; X_3이 I, D, Q, H, V 또는 E이고; X_4가 F, S, E, A, T, M, V, I, D, Q, P, R 또는 G이고; X_5가 S, M, R 또는 N이고; X_6이 I, K, S, T, R, E, D, N, V, H, L, A, Q 또는 G이고; X_7이 S, T, Y, R 또는 N이고; X_8이 M, G 또는 Y이고; (b) CDR2의 아미노산 서열이 $AIX_9GX_{10}X_{11}TX_{12}YADSVK$(서열번호 2)로 기재된 바와 같고, 이때 X_9가 H, N 또는 S이고; X_{10}이 F, G, K, R, P, D, Q, H, E, N, T, S, A, I, L 또는 V이고; X_{11}이 S, Q, E, T, K 또는 D이고; X_{12}가 L, V, I, F, Y 또는 W이고; (c) CDR3의 아미노산 서열이 $VPWGX_{13}YHPX_{14}X_{15}VX_{16}$(서열번호 3)으로 기재된 바와 같고, 이때 X_{13}이 D, I, T, K, R, A, E, S 또는 Y이고; X_{14}가 R, G, L, K, T, Q, S 또는 N이고; X_{15}가 N, K, E, V, R, M 또는 D이고; X_{16}이 Y, A, V, K, H, L, M, T, R, Q, C, S 또는 N인 BCMA 결합 삼중특이적 단백질을 제공한다.

[0014] 한 실시양태에서, CDR1은 서열번호 599의 아미노산 서열을 포함하지 않는다. 한 실시양태에서, CDR2는 서열번호 600의 아미노산 서열을 포함하지 않는다. 한 실시양태에서, CDR3은 서열번호 601의 아미노산 서열을 포함하지 않는다. 한 실시양태에서, CDR1 및 CDR2는 각각 서열번호 599 및 600의 아미노산 서열을 포함하지 않는다. 한 실시양태에서, CDR1 및 CDR3은 각각 서열번호 599 및 601의 아미노산 서열을 포함하지 않는다. 한

실시양태에서, CDR2 및 CDR3은 각각 서열번호 600 및 601의 아미노산 서열을 포함하지 않는다. 한 실시양태에서, CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열번호 599, 600 및 601의 아미노산 서열을 포함하지 않는다.

[0015] 본원은 VHH 도메인이 하기 식을 포함하는 것인 BCMA 결합 삼중특이적 단백질을 제공한다: f1-r1-f2-r2-f3-r3-f4; 이 식에서, r1은 서열번호 1이고; r2는 서열번호 2이고; r3은 서열번호 3이고; f_1, f_2, f_3 및 f_4는 상기 단백질이 서열번호 598 또는 346으로 기재된 아미노산 서열과 약 팔십 퍼센트(80%) 내지 약 99% 동일하도록 선택된 프레임워크 잔기이다. 본원은 VHH 도메인이 하기 식을 포함하는 것인 BCMA 결합 삼중특이적 단백질을 제공한다; f1-r1-f2-r2-f3-r3-f4; 이 식에서, r1은 서열번호 1이고; r2는 서열번호 2이고; r3은 서열번호 3이고; f_1, f_2, f_3 및 f_4는 상기 단백질이 서열번호 598 또는 346으로 기재된 아미노산 서열과 약 80% 내지 약 90% 동일하도록 선택된 프레임워크 잔기이다. 한 실시양태에서, 단일 도메인 BCMA 결합 단백질의 아미노산 서열은 서열번호 598을 포함하지 않는다.

[0016] 일부 비한정적 예에서, r1은 서열번호 4 내지 117 중 어느 한 서열번호로 기재된 아미노산 서열을 포함한다.

[0017] 일부 비한정적 예에서, r2는 서열번호 118 내지 231 중 어느 한 서열번호로 기재된 아미노산 서열을 포함한다.

[0018] 일부 비한정적 예에서, r3은 서열번호 232 내지 345 중 어느 한 서열번호로 기재된 아미노산 서열을 포함한다.

[0019] 다른 비한정적 예에서, 상기 단백질은 서열번호 346 내지 460 중 어느 한 서열번호로 기재된 아미노산 서열을 포함한다.

[0020] 일부 경우, 단일 도메인 BCMA 결합 단백질에서, f1은 서열번호 461 또는 462를 포함한다.

[0021] 일부 경우, 단일 도메인 BCMA 결합 단백질에서, f2는 서열번호 463을 포함한다.

[0022] 일부 경우, 단일 도메인 BCMA 결합 단백질에서, f3은 서열번호 464 또는 465를 포함한다.

[0023] 일부 경우, 단일 도메인 BCMA 결합 단백질에서, f4는 서열번호 466 또는 467을 포함한다.

[0024] 한 비한정적 예에서, r1은 서열번호 76, 114, 115, 116 또는 117을 포함한다. 한 비한정적 예에서, r1은 서열번호 76을 포함한다.

[0025] 한 비한정적 예에서, r1은 서열번호 76을 포함하고, r2는 서열번호 190이고, r3은 서열번호 304이다.

[0026] 한 비한정적 예에서, r1은 서열번호 114를 포함하고, r2는 서열번호 228을 포함하고, r3은 서열번호 342를 포함한다.

[0027] 한 비한정적 예에서, r1은 서열번호 115를 포함하고, r2는 서열번호 229를 포함하고, r3은 서열번호 343을 포함한다.

[0028] 한 비한정적 예에서, r1은 서열번호 117을 포함하고, r2는 서열번호 231을 포함하고, r3은 서열번호 345를 포함한다.

[0029] 한 비한정적 예에서, r1은 서열번호 116을 포함하고, r2는 서열번호 230을 포함하고, r3은 서열번호 344를 포함한다.

[0030] 일부 경우, 제3 도메인은 인간 VHH 도메인, 인간화된 VHH 도메인, 친화성 성숙된 VHH 도메인, 또는 이들의 조합이다.

[0031] 일부 경우, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 적어도 12시간, 적어도 20시간, 적어도 25시간, 적어도 30시간, 적어도 35시간, 적어도 40시간, 적어도 45시간, 적어도 50시간 또는 적어도 100시간의 제거 반감기를 가진다.

[0032] 본원은 VHH 도메인이고 서열번호 346 또는 598로서 기재된 서열을 포함하는 BCMA 결합 삼중특이적 단백질로서, VHH 도메인이 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함하고, CDR1의 아미노산 위치 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32 및/또는 34; CDR2의 위치 52, 54, 55 및/또는 57; 및 CDR3의 위치 101, 105, 106 및/또는 108로부터 선택된 하나 이상의 아미노산 잔기가 치환되고, 치환되는 경우 아미노산 위치 26이 S로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 27이 D 또는 S로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 28이 D, Q, H, V 또는 E로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 29가 S, E, A, T, M, V, I, D, Q, P, R 또는 G로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 30이 M, R 또는 N으로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 31이 K, S, T, R, E, D, N, V, H, L, A, Q 또는 G로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 32가 T, Y, R 또는 N으로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 34가 G

또는 Y로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 52가 N 또는 S로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 54가 G, K, R, P, D, Q, H, E, N, T, S, A, I, L 또는 V로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 55가 Q, E, T, K 또는 D로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 57이 V, I, F, Y 또는 W로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 101이 I, T, K, R, A, E, S 또는 Y로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 105가 G, L, K, T, Q, S 또는 N으로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 106이 K, E, V, R, M 또는 D로 치환되고; 치환되는 경우 아미노산 위치 108이 A, V, K, H, L, M, T, R, Q, C, S 또는 N으로 치환되는 것인 BCMA 결합 삼중특이적 단백질을 제공한다. 한 비한정적 예에서, VHH 도메인은 인간 VHH 도메인, 인간화된 VHH 도메인, 친화성 성숙된 VHH 도메인 또는 이들의 조합이다.

[0033] 본원은 제3 도메인이 서열번호 468로서 기재된 서열을 포함하는 인간 BCMA 단백질에 결합하는 것인 BCMA 결합 삼중특이적 단백질을 제공한다. 일부 경우, 제3 도메인은 BCMA의 에피토프에 결합하고, 이때 상기 에피토프는 BCMA의 세포외 도메인을 포함한다. 일부 경우, 제3 도메인은 BCMA의 에피토프에 결합하고, 이때 상기 에피토프는 서열번호 468의 아미노산 잔기 5 내지 51을 포함한다.

[0034] 이러한 BCMA 결합 삼중특이적 단백질에서 링커 L1 및 L2는 $(GS)_n$(서열번호 472), $(GGS)_n$(서열번호 473), $(GGGS)_n$(서열번호 474), $(GGSG)_n$(서열번호 475), $(GGSGG)_n$(서열번호 476), $(GGGGS)_n$(서열번호 477), $(GGGGG)_n$(서열번호 478) 또는 $(GGG)_n$(서열번호 479)로부터 각각 독립적으로 선택되고, 이때 n은 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 또는 10이다.

[0035] 한 비한정적 예에서, 이러한 BCMA 결합 삼중특이적 단백질에서 링커 L1 및 L2는 각각 독립적으로 $(GGGGS)_4$(서열번호 480) 또는 $(GGGGS)_3$(서열번호 481)이다.

[0036] BCMA 결합 삼중특이적 단백질의 도메인은 순서 H_2N-(C)-(B)-(A)-COOH로 연결될 수 있다.

[0037] 일부 경우, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 약 80 kDa 미만이다. 다른 경우, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 약 50 내지 약 75 kDa일 수 있다. 다른 경우, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 약 60 kDa 미만이다.

[0038] 일부 경우, 본원에 기재된 BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 적어도 약 50시간, 약 100시간 이상의 제거 반감기를 가진다.

[0039] 일부 경우, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 IgG에 비해 동일한 BCMA에의 증가된 조직 침투를 나타낸다.

[0040] 일부 경우, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 483 내지 597로 구성된 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함한다. 일부 경우, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 520으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다.

[0041] 한 실시양태에서, 본원은 (a) 인간 CD3에 특이적으로 결합하는 제1 도메인(A); (b) 반감기 연장 도메인인 제2 도메인(B); 및 (c) BCMA에 특이적으로 결합하는 제3 도메인(C)을 포함하는 B 세포 성숙 물질(BCMA) 결합 삼중특이적 단백질로서, 제3 도메인이 서열번호 346 내지 460 중 어느 한 서열번호로 기재된 아미노산 서열을 포함하는 것인 BCMA 결합 삼중특이적 단백질을 제공한다.

[0042] 한 실시양태에서, 본원은 (a) 인간 CD3에 특이적으로 결합하는 제1 도메인(A); (b) 반감기 연장 도메인인 제2 도메인(B); 및 (c) BCMA에 특이적으로 결합하는 제3 도메인(C)을 포함하는 B 세포 성숙 물질(BCMA) 결합 삼중특이적 단백질로서, 제3 도메인이 상보성 결정 영역 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함하고, CDR1이 서열번호 4 내지 117 중 어느 한 서열번호로 기재된 아미노산 서열을 포함하고, CDR2가 서열번호 118 내지 231 중 어느 한 서열번호로 기재된 아미노산 서열을 포함하고, CDR3이 서열번호 232 내지 345 중 어느 한 서열번호로 기재된 아미노산 서열을 포함하는 것인 BCMA 결합 삼중특이적 단백질을 제공한다.

[0043] 본원은 본원에 기재된 BCMA 결합 삼중특이적 단백질 및 약학적으로 허용가능한 담체를 포함하는 약학 조성물을 제공한다.

[0044] 본원은 본원에 기재된 BCMA 결합 삼중특이적 단백질을 제조하는 방법으로서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질의 발현을 허용하는 조건 하에서 BCMA 결합 삼중특이적 단백질을 코딩하는 핵산 서열을 포함하는 벡터로 형질전환되었거나 형질감염된 숙주를 배양하는 단계 및 생성된 단백질을 배양물로부터 회수하고 정제하는 단계를 포함하는 방법도 제공한다.

[0045] 한 실시양태는 BCMA와 관련된 종양 질환, 자가면역 질환 또는 감염 질환의 치료 또는 호전을 필요로 하는 대상체에서 이러한 질환을 치료하거나 호전시키는 방법으로서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질을 포함하는 약학 조성

물을 상기 대상체에게 투여하는 단계를 포함하고, BCMA 결합 단백질이 (a) 인간 CD3에 특이적으로 결합하는 제1 도메인(A); (b) 반감기 연장 도메인인 제2 도메인(B); 및 (c) BCMA에 특이적으로 결합하는 제3 도메인(C)을 포함하고, 상기 도메인들이 순서 H2N-(A)-(C)-(B)-COOH, H2N-(B)-(A)-(C)-COOH, H2N-(C)-(B)-(A)-COOH, H2N-(C)-(A)-(B)-COOH, H2N-(A)-(B)-(C)-COOH, H2N-(B)-(C)-(A)-COOH로 연결되고, 상기 도메인들이 링커 L1 및 L2에 의해 연결된 것인 방법을 제공한다.

[0046] 본원은 BCMA와 관련된 종양 질환, 자가면역 질환 또는 감염 질환의 치료 또는 호전을 필요로 하는 대상체에서 상기 질환을 치료하거나 호전시키는 방법으로서, 본원에 기재된 약학 조성물을 상기 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는 방법을 제공한다.

[0047] 일부 경우, 치료되는 대상체는 인간이다.

[0048] 일부 경우, 방법은 BCMA 결합 삼중특이적 단백질과 함께 하나 이상의 추가 물질을 투여하는 단계도 포함한다.

[0049] 본원에 기재된 방법은 종양 질환의 치료 또는 호전에 유용하고, 이때 BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 BCMA를 발현하는 종양 세포에 선택적으로 결합한다.

[0050] 기재된 방법으로 치료되는 종양 질환은 원발성 암 또는 이의 전이를 포함한다. 한 경우, 종양 질환은 B 세포 계통 암을 포함한다.

[0051] 언급된 방법으로 치료되는 B 세포 계통 암은 다발성 골수종, 백혈병, 림프종 또는 이들의 전이를 포함하나 이들로 한정되지 않는다.

[0052] **참고에 의한 도입**

[0053] 본 명세서에 언급된 모든 공개문헌들, 특허들 및 특허출원들은 각각의 개별 공개문헌, 특허 또는 특허출원이 참고로 도입되는 것으로 구체적으로 및 개별적으로 표시된 것처럼 동일한 정도로 본원에 참고로 도입된다.

도면의 간단한 설명

[0054] 본 발명의 신규 특징은 첨부된 청구범위에 구체적으로 기재되어 있다. 본 발명의 특징 및 장점은 본 발명의 원리가 이용된 예시적 실시양태가 기재된 하기 상세한 설명 및 첨부된 도면을 참고함으로써 더 잘 이해될 것이다.

도 1은 항-CD3ε 단일 쇄 가변 단편(scFv) 및 항-ALB 가변 중쇄 영역을 포함하는 불변 코어 요소; 및 VHH, VH, scFv, 비-Ig 결합제 또는 리간드일 수 있는 항-BCMA 결합 도메인을 가진 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 항원 결합 단백질의 개략도이다.

도 2는 BCMA를 발현하는 정제된 인간 T 세포의 사멸에 있어서 본 개시에 따른 항-BCMA 결합 단백질을 함유하는 예시적 BCMA 표적화 분자(01H08, 01F07, 02F02, 및 BH253)의 효과를 음성 대조군과 비교하여 보여준다.

도 3은 대표적 정제된 BCMA 삼중특이적 분자의 SDS-PAGE의 영상이다. 레인 1: 비환원된 01F07-M34Y TriTAC; 레인 2: 비환원된 01F07-M34G-TriTAC; 레인 3: 비환원된 02B05 TriTAC; 레인 4: 비환원된 02G02-M34Y TriTAC; 레인 5: 비환원된 02G02 M34G TriTAC; 레인 6: 광범위 SDS-PAGE 표준물(바이오-라드(Bio-Rad) #1610317); 레인 7: 비환원된 01F07-M34Y TriTAC; 레인 8: 비환원된 01F07-M34G-TriTAC; 레인 9: 비환원된 02B05 TriTAC; 레인 10: 비환원된 02G02-M34Y TriTAC; 레인 11: 비환원된 02G02 M34G TriTAC; 레인 12: 광범위 SDS-PAGE 표준물(Bio-Rad #1610317).

도 4a 내지 4i는 BCMA를 발현하는 Jeko1, MOLP-8 또는 OPM-2 세포의 사멸에 있어서 본 개시에 따른 항-BCMA 결합 단백질을 함유하는 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 분자의 효과를 음성 대조군과 비교하여 보여준다.

도 5a 내지 5d는 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질과, 4명의 상이한 인간 기증자들로부터의 정제된 T 세포의 결합을 보여준다: 기증자 02(도 5a), 기증자 35(도 5b), 기증자 81(도 5c) 및 기증자 86(도 5d).

도 6a 내지 6f는 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05)과, BCMA를 발현하는 세포인 NCI-H929(도 6a), EJM(도 6b), OPM2(도 6d), RPMI8226(도 6e), 또는 BCMA의 발현을 결여하는 세포주인 NCI-H510A(도 6c) 및 DMS-153(도 6f)의 결합을 보여준다.

도 7은 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 또는 부재 하에서 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05) 및 BCMA 발현 EJM 세포를 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

도 8은 다양한 이펙터 세포 대 표적 세포 비를 사용하여, 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05) 및

BCMA 발현 EJM 세포를 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

도 9는 다양한 이펙터 세포 대 표적 세포 비를 사용하여, 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05) 및 BCMA 발현 OPM2 세포를 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

도 10은 다양한 시점 및 1:1 이펙터 세포 대 표적 세포 비를 사용하여, 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05) 및 BCMA 발현 NCI-H929 세포를 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

도 11은 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 하에서 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05), BCMA 발현 EJM 세포, 및 4명의 상이한 기증자들로부터의 T 세포를 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

도 12는 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 하에서 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05), BCMA 발현 NCI-H929 세포, 및 4명의 상이한 기증자들로부터의 T 세포를 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

도 13은 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 하에서 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05), BCMA 발현 OPM2 세포, 및 4명의 상이한 기증자들로부터의 T 세포를 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

도 14는 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 하에서 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05), BCMA 발현 RPMI8226 세포, 및 4명의 상이한 기증자들로부터의 T 세포를 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

도 15는 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 하에서 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05), BCMA 비-발현 OVCAR8 세포, 및 4명의 상이한 기증자들로부터의 T 세포를 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

도 16은 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 하에서 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05), BCMA 비-발현 NCI-H510A 세포 및 4명의 상이한 기증자들로부터의 T 세포를 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

도 17은 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 하에서 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05), BCMA 발현 NCI-H929 세포, 및 2마리의 상이한 사이노몰구스 기증자들로부터의 말초 혈액 단핵 세포(PBMC)를 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

도 18은 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 하에서 예시적 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질(02B05), BCMA 발현 RPMI8226 세포, 및 2마리의 상이한 사이노몰구스 기증자들로부터의 말초 혈액 단핵 세포(PBMC)를 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

도 19는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05) 및 BCMA 발현 세포 EJM을 사용한 TDCC 어세이 후 T 세포 활성화 바이오마커 CD69의 발현 수준을 보여준다.

도 20은 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05) 및 BCMA 발현 세포 EJM을 사용한 TDCC 어세이 후 T 세포 활성화 바이오마커 CD25의 발현 수준을 보여준다.

도 21은 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05) 및 BCMA 발현 세포 OPM2를 사용한 TDCC 어세이 후 T 세포 활성화 바이오마커 CD69의 발현 수준을 보여준다.

도 22는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05) 및 BCMA 발현 세포 OPM2를 사용한 TDCC 어세이 후 T 세포 활성화 바이오마커 CD25의 발현 수준을 보여준다.

도 23은 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05) 및 BCMA 발현 세포 RPMI8226을 사용한 TDCC 어세이 후 T 세포 활성화 바이오마커 CD69의 발현 수준을 보여준다.

도 24는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05) 및 BCMA 발현 세포 RPMI8226을 사용한 TDCC 어세이 후 T 세포 활성화 바이오마커 CD25의 발현 수준을 보여준다.

도 25는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05) 및 BCMA 비-발현 세포 OVCAR8을 사용한 TDCC 어세이 후 T 세포 활성화 바이오마커 CD69의 발현 수준을 보여준다.

도 26은 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05) 및 BCMA 비-발현 세포 OVCAR8을 사용한 TDCC 어세이 후 T 세포 활성화 바이오마커 CD25의 발현 수준을 보여준다.

도 27은 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05) 및 BCMA 비-발현 세포 NCI-H510A를 사용한 TDCC 어세이 후 T 세포 활성화 바이오마커 CD69의 발현 수준을 보여준다.

도 28은 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05) 및 BCMA 비-발현 세포 NCI-H510A를 사용한 TDCC 어세이

후 T 세포 활성화 바이오마커 CD25의 발현 수준을 보여준다.

도 29는 증가하는 농도의 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적(02B05) 단백질 또는 음성 대조군 GFP 삼중특이적 단백질로 처리된 T 세포 및 BCMA 발현 표적 세포(EJM 세포)의 공-배양에서 사이토카인인 TNF-α의 발현 수준을 보여준다.

도 30은 다양한 농도의 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적(02B05) 단백질 또는 대조군 비히클로 처리된 RPMI8226 이종이식편 모델에서 종양 성장 감소를 보여준다.

도 31은 다양한 농도의 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적(02B05) 단백질 또는 대조군 비히클로 처리된 Jeko1 이종이식편 모델에서 종양 성장 감소를 보여준다.

도 32는 다양한 농도의 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적(02B05) 단백질이 투약된 사이노몰구스 원숭이로부터의 혈청 샘플 중의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 농도를 보여준다.

도 33은 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질에 노출되지 않은 사이노몰구스 원숭이로부터의 혈청의 존재 하에서 다양한 농도의 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적(02B05) 단백질, BCMA 발현 EJM 세포 및 정제된 인간 T 세포를 투약한지 168시간 후 채취된 사이노몰구스 원숭이의 혈청 샘플로부터 수득된 BCMA 삼중특이적 표적화 단백질을 사용한 TDCC 어세이의 결과를 보여준다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0055] 본 발명의 바람직한 실시양태들이 본원에 제시되고 기재되어 있지만, 이러한 실시양태들이 단지 예로써 제공된다는 것은 당분야에서 숙련된 자에게 자명할 것이다. 본 발명을 벗어나지 않으면서 다수의 변경, 변화 및 치환이 당분야에서 숙련된 자에게 인식될 것이다. 본원에 기재된 본 발명의 실시양태들의 다양한 대안들이 본 발명을 실시하는 데 이용될 수 있다는 것을 이해해야 한다. 하기 청구범위는 본 발명의 범위를 정의하고 이 청구범위 및 이의 균등물의 범위 내에 있는 방법 및 구조는 이 범위에 의해 커버되기 위한 것이다.

[0056] B 세포 성숙 항원(BCMA)을 표적화하는 삼중특이적 단백질(본원에서 BCMA 결합 삼중특이적 단백질, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질, 또는 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질로서 지칭됨), 이의 약학 조성물뿐만 아니라, 이러한 단백질을 제조하기 위한 핵산, 재조합 발현 벡터 및 숙주 세포도 본원에 기재된다. 질환, 질병 및 장애의 예방 및/또는 치료에 있어서 개시된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 사용하는 방법도 제공된다. BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 BCMA뿐만 아니라 CD3에도 특이적으로 결합할 수 있고 반감기 연장 도메인, 예컨대, 인간 알부민(ALB)에 결합하는 도메인을 가진다. 도 1은 삼중특이적 BCMA 결합 단백질의 비한정적 예를 보여준다.

[0057] "항체"는 전형적으로 공유 디설파이드 결합 및 비-공유 상호작용에 의해 함께 연결된 2개의 중쇄(H) 및 경쇄(L) 폴리펩타이드를 포함하는 Y형 사량체 단백질을 지칭한다. 인간 경쇄는 가변 도메인(VL) 및 불변 도메인(CL)을 포함하고, 이때 불변 도메인은 아미노산 서열 및 유전자 좌위를 기준으로 카파 또는 람다로서 용이하게 분류될 수 있다. 각각의 중쇄는 하나의 가변 도메인(VH) 및 불변 영역을 포함하고, 불변 영역은 IgG, IgA 및 IgD의 경우 CH1, CH2 및 CH3으로서 명명된 3개의 도메인들을 포함한다(IgM 및 IgE는 제4 도메인인 CH4를 가진다). IgG, IgA 및 IgD 클래스에서, CH1 도메인과 CH2 도메인은 가변 길이(일반적으로 IgG에서 약 10개 내지 약 60개의 아미노산)의 프롤린 및 시스테인 풍부 분절인 유연한 힌지 영역에 의해 분리된다. 경쇄 및 중쇄 둘 다에서 가변 도메인들은 약 12개 이상의 아미노산의 "J" 영역에 의해 불변 도메인에 연결되고, 중쇄는 약 10개의 추가 아미노산의 "D" 영역도 가진다. 항체의 각각의 클래스는 페어링된 시스테인 잔기에 의해 형성된 쇄간 디설파이드 결합 및 쇄내 디설파이드 결합을 추가로 포함한다. 면역글로불린 분자에는 두 유형의 천연 디설파이드 가교 또는 결합이 있다: 쇄간 디설파이드 결합 및 쇄내 디설파이드 결합. 쇄간 디설파이드 결합의 위치 및 수는 면역글로불린 클래스 및 종에 따라 달라진다. 쇄간 디설파이드 결합은 면역글로불린의 표면에 위치하고 용매에 접근할 수 있고 통상적으로 비교적 용이하게 환원된다. 인간 IgG1 이소타입에는 4개의 쇄간 디설파이드 결합이 있다: 각각의 중쇄부터 경쇄까지 1개, 그리고 중쇄들 사이에 2개. 쇄간 디설파이드 결합은 쇄 연결을 위해 요구되지 않는다. 잘 공지되어 있는 바와 같이, 중쇄의 시스테인 풍부 IgG1 힌지 영역은 일반적으로 3개의 부분들로 구성되도록 유지된다: 상부 힌지, 코어 힌지 및 하부 힌지. 당분야에서 숙련된 자는 IgG1 힌지 영역이 Fab 움직임을 용이하게 하는 구조적 유연성을 제공하는 쇄간 디설파이드 결합(2개의 중쇄/중쇄, 2개의 중쇄/경쇄)을 포함하는 중쇄에서 시스테인을 함유한다는 것을 인식할 것이다. IgG1의 경쇄와 중쇄 사이의 쇄간 디설파이드 결합은 카파 또는 람다 경쇄의 C214와 중쇄의 상부 힌지 영역 내의 C220 사이에 형성된다. 중쇄들 사이의 쇄간 디설파이드 결합은 위치 C226 및 C229(모두 하기 문헌(Kabat, *et al.*)에 따른 EU 지표에 따라 넘버링됨)에 있다.

[0058] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "항체"는, BCMA 단백질과 우선적으로 연결되거나 결합하는 결합 부위를 가진 도메인을 포함하는 한, 다클론 항체, 다중클론 항체, 단일클론 항체, 키메라 항체, 인간화된 항체, 영장류화된 항체, CDR 이식된 항체, 인간 항체, 재조합적으로 생성된 항체, 인트라바디, 다중특이적 항체, 이중특이적 항체, 1가 항체, 다가 항체, 항-이디오타입 항체, 뮤테인 및 이의 변이체를 포함하는 합성 항체, 면역특이적 항체 단편, 예컨대, Fd, Fab, F(ab')2, F(ab') 단편, 단일 쇄 단편(예를 들면, ScFv 및 ScFvFc), 디설파이드-결합된 Fv(sdFv), VH 및 CH1 도메인으로 구성된 Fd 단편, 선형 항체, 단일 도메인 항체, 예컨대, sdAb(VH, VL, 또는 VHH 도메인); 및 Fc 융합체 및 다른 변형체, 및 임의의 다른 면역반응성 분자를 포함하는 이들의 유도체를 포함한다. 더욱이, 문맥상 제한에 의해 달리 좌우되지 않는 한, 상기 용어는 항체의 모든 클래스들(즉, IgA, IgD, IgE, IgG 및 IgM) 및 모든 서브클래스들(즉, IgG1, IgG2, IgG3, IgG4, IgA1 및 IgA2)도 포함한다. 항체의 상이한 클래스에 상응하는 중쇄 불변 도메인은 전형적으로 각각 상응하는 소문자 그리스 문자 알파, 델타, 엡실론, 감마 및 뮤로 표기된다. 임의의 척추동물 종으로부터의 항체의 경쇄는 그의 불변 도메인의 아미노산 서열을 기준으로 카파(카파) 및 람다(람다)로서 지칭된 명확히 상이한 두 유형들 중 하나로 배정될 수 있다.

[0059] 일부 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 BCMA 결합 도메인은 중쇄 단독 항체, 예컨대, VH 또는 VHH 도메인을 포함한다. 일부 경우, BCMA 결합 단백질은 조작된 인간 VH 도메인인 중쇄 단독 항체를 포함한다. 일부 예에서, 조작된 인간 VH 도메인은 파지 디스플레이 라이브러리의 패닝(panning)에 의해 생성된다. 일부 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 BCMA 결합 도메인은 VHH를 포함한다. 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "VHH"는 경쇄를 결여한 단일 쇄 항체 결합 도메인을 지칭한다. 일부 경우, VHH는 천연적으로 경쇄를 결여한 낙타과 또는 연골 어류에서 발견될 수 있는 유형의 항체로부터 유래하거나, 그에 맞춰 구축될 수 있는 합성 및 비면역화된 VHH이다. 각각의 중쇄는 V, D 및 J 엑손에 의해 코딩된 가변 영역을 포함한다. 일부 경우, VHH는 천연 VHH, 예컨대, 낙타과 유래의 VHH, 또는 중쇄 가변 도메인을 포함하는 재조합 단백질이다. 일부 실시양태에서, VHH는 낙타, 라마, 야생 라마, 과나코 및 (상어와 같은, 그러나 이로 한정되지 않는) 연골 어류로 구성된 군으로부터 선택된 종으로부터 유래한다. 또 다른 실시양태에서, VHH는 (후아카야(Huacaya) 알파카 또는 수리(Suri) 알파카와 같은, 그러나 이들로 한정되지 않는) 알파카로부터 유래한다.

[0060] 본원에서 사용된 바와 같이, "가변 영역" 또는 "가변 도메인"은 가변 도메인의 일부 부분이 항체들 사이에 서열 면에서 광범위하게 상이하고 그의 특정 항원에 대한 각각의 특정 항체의 결합 및 특이성에서 사용된다는 사실을 의미한다. 그러나, 가변성은 항체의 가변 도메인들 전체에 걸쳐 골고루 분포되어 있지 않다. 가변성은 경쇄 가변 도메인(VL) 및 중쇄 가변 도메인(VH) 둘 다에서 상보성 결정 영역(CDR) 또는 초가변 영역으로서 지칭된 3개의 분절들에 집중되어 있다. 가변 도메인의 보다 더 고도로 보존된 부분은 프레임워크(FR)로서 지칭된다. 천연 중쇄 및 경쇄의 가변 도메인은, β 시트 구조의 루프 연결을 형성하고 일부 경우 β 시트 구조의 부분을 형성하는 3개의 CDR들에 의해 연결된, 주로 β 시트 구조를 채택하는 4개의 FR 영역을 각각 포함한다. 각각의 쇄에서 CDR들은 FR 영역에 의해 가까이 인접하여 함께 유지되고, 다른 쇄로부터의 CDR들과 함께 항체의 항원 결합 부위의 형성에 기여한다(문헌(Kabat *et al.*, Sequences of Proteins of Immunological Interest, Fifth Edition, National Institute of Health, Bethesda, Md. (1991)) 참조). 불변 도메인은 항체와 항원의 결합에 직접 관여하지 않으나, 항체 의존적 세포 독성에의 항체의 참여와 같은 다양한 이펙터 기능들을 나타낸다. 일부 경우 유전적 조작에 의해 수득되는 scFv 단편(또는 단일 쇄 단편 가변)은 펩타이드 링커에 의해 분리된, 항체의 VH 및 VL 영역인 단일 폴리펩타이드 쇄로 연결된다.

[0061] 본 개시의 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 BCMA 결합 도메인은 중쇄 단독 항체, 예컨대, VH 또는 VHH 도메인을 포함하고, 3개의 CDR들을 포함한다. 일부 실시양태에서, 이러한 중쇄 단독 항체는 최적 결합 친화성을 위해 VL(경쇄 가변) 영역과의 이량체화에 의존하지 않으면서 단량체로서 BCMA에 결합한다. 본 개시의 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 CD3 결합 도메인은 scFv를 포함한다. 본 개시의 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 알부민 결합 도메인은 중쇄 단독 항체, 예컨대, VH 도메인 또는 VHH 도메인을 포함하는 단일 도메인 항체를 포함한다.

[0062] 일부 실시양태에서, 달리 표시되지 않은 한, 각각의 도메인, 프레임워크 영역 및 CDR로의 아미노산의 배정은 문헌(Kabat *et al.* (1991) Sequences of Proteins of Immunological Interest (5th Ed.), US Dept. of Health and Human Services, PHS, NIH, NIH Publication no. 91-3242); 문헌(Chothia *et al.*, 1987, PMID: 3681981); 문헌(Chothia *et al.*, 1989, PMID: 2687698); 문헌(MacCallum *et al.*, 1996, PMID: 8876650); 또는 문헌(Dubel, Ed. (2007) Handbook of Therapeutic Antibodies, 3rd Ed., Wily-VCH Verlag GmbH and Co or AbM (Oxford Molecular/MSI Pharmacopia))에 의해 제공된 넘버링 체계들 중 하나를 따른다. 본 개시의 CDR은 반드시 카바트 넘버링 약정에 상응할 필요는 없다.

[0063] 용어 "프레임워크" 또는 "FR" 잔기(또는 영역)는 본원에서 정의된 CDR 또는 초가변 영역 잔기 이외의 가변 도메인 잔기를 지칭한다. "인간 컨센서스 프레임워크"는 인간 면역글로불린 VL 또는 VH 프레임워크 서열의 선택에 있어서 가장 흔히 발견되는 아미노산 잔기를 나타내는 프레임워크이다.

[0064] 본원에서 사용된 바와 같이, 서열에 대한 용어 "퍼센트(%) 아미노산 서열 동일성"은 서열들을 정렬하고 필요한 경우 갭을 도입하여 최대 퍼센트 서열 동일성을 달성하고 임의의 보존적 치환을 서열 동일성의 부분으로서 간주하지 않은 후 특정 서열의 아미노산 잔기와 동일한 후보 서열의 아미노산 잔기의 퍼센트로서 정의된다. 퍼센트 아미노산 서열 동일성을 측정하기 위한 정렬은 예를 들면, 공개적으로 입수가능한 컴퓨터 소프트웨어, 예컨대, EMBOSS MATCHER, EMBOSS WATER, EMBOSS STRETCHER, EMBOSS NEEDLE, EMBOSS LALIGN, BLAST, BLAST-2, ALIGN 또는 Megalign(DNASTAR) 소프트웨어를 이용함으로써 당분야의 기술 내에 있는 다양한 방식들로 달성될 수 있다. 당분야에서 숙련된 자는 비교되는 서열들의 전체 길이에 걸쳐 최대 정렬을 달성하기 위해 필요한 임의의 알고리즘을 포함하는, 정렬을 측정하기 위한 적절한 파라미터를 결정할 수 있다.

[0065] 본원에서 사용된 바와 같이, "제거 반감기"는 문헌(Goodman and Gillman's The Pharmaceutical Basis of Therapeutics 21-25 (Alfred Goodman Gilman, Louis S. Goodman, and Alfred Gilman, eds., 6th ed. 1980))에 기재된 바와 같이 그의 통상의 의미로 사용된다. 요약하건대, 상기 용어는 약물 제거의 시간 경과의 정량적 측정치를 포괄하기 위한 것이다. 약물 농도가 통상적으로 제거 과정의 포화를 위해 요구된 농도에 도달하지 않기 때문에, 대부분의 약물들의 제거는 기하급수적이다(즉, 1차 반응속도론을 따른다). 기하급수적 과정의 속도는 단위 시간당 변화율을 표현하는 그의 속도 상수 k, 또는 과정의 50% 완료를 위해 요구된 시간인 그의 반감기 t1/2로 표현될 수 있다. 이들 2개의 상수들의 단위는 각각 시간-1 및 시간이다. 반응의 1차 속도 상수 및 반감기는 단순히 연관되고(k×t1/2=0.693), 그러므로 교환될 수 있다. 1차 제거 반응속도론은 약물의 일정 분획이 단위 시간당 상실되는 것을 좌우하기 때문에, 약물 농도의 로그 대 시간의 도표는 초기 분포기 후(즉, 약물 흡수 및 분포가 완료된 후) 모든 시간에서 선형이다. 약물 제거에 대한 반감기는 이러한 그래프로부터 정확히 측정될 수 있다.

[0066] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "결합 친화성"은 본 개시에 기재된 단백질이 그의 결합 표적에 대해 나타내는 친화성을 지칭하고, "Kd" 값을 사용함으로써 수치적으로 표현된다. 2개 이상의 단백질들이 그들의 결합 표적에 대한 필적할만한 결합 친화성을 가진 것으로 표시된 경우, 각각의 단백질들과 그들의 결합 표적의 결합에 대한 Kd 값은 서로의 ±2배 이내에 있다. 2개 이상의 단백질들이 단일 결합 표적에 대한 필적할만한 결합 친화성을 갖는 것으로 표시된 경우, 각각의 단백질들과 상기 단일 결합 표적의 결합에 대한 Kd 값은 서로의 ±2배 이내에 있다. 단백질이 필적할만한 결합 친화성으로 2개 이상의 표적들에 결합하는 것으로 표시된 경우, 상기 단백질과 2개 이상의 표적들의 결합에 대한 Kd 값은 서로의 ±2배 이내에 있다. 일반적으로, 더 높은 Kd 값은 더 약한 결합에 상응한다. 일부 실시양태에서, "Kd"는 비아코어(BIAcore)™-2000 또는 비아코어™-3000(비아코어 인코포레이티드(BIAcore, Inc.), 뉴저지주 피스카타웨이 소재)을 이용한 방사성표지된 항원 결합 어세이(RIA) 또는 표면 플라스몬 공명 어세이에 의해 측정된다. 일부 실시양태에서, "결합-속도" 또는 "결합의 속도" 또는 "결합 속도" 또는 "kon" 및 "해리-속도" 또는 "해리의 속도" 또는 "해리 속도" 또는 "koff"도 비아코어™-2000 또는 비아코어™-3000(비아코어 인코포레이티드, 뉴저지주 피스카타웨이 소재)을 이용함으로써 표면 플라스몬 공명 기법에 의해 측정된다. 추가 실시양태에서, "Kd", "kon" 및 "koff"는 옥테트(OCTET)® 시스템(팔 라이프 사이언시스(Pall Life Sciences))을 이용함으로써 측정된다. 옥테트® 시스템을 이용하여 결합 친화성을 측정하는 예시적 방법에서, 약 20 내지 50 ㎍/㎖의 인간 또는 사이노몰구스 BCMA 단백질을 사용하여 리간드, 예를 들면, 바이오티닐화된 인간 또는 사이노몰구스 BCMA를 옥테트® 스트렙타비딘 모세관 센서 팁 표면에 고정시킨 후, 상기 스트렙타비딘 팁을 제조자의 설명서에 따라 활성화시킨다. PBS/카세인의 용액도 차단제로서 도입한다. 결합 반응속도 측정을 위해, BCMA 결합 단백질 변이체를 약 10 ng/㎖ 내지 약 100 ㎍/㎖, 약 50 ng/㎖ 내지 약 5 ㎍/㎖, 또는 약 2 ng/㎖ 내지 약 20 ㎍/㎖의 농도로 도입한다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단일 도메인 단백질은 약 2 ng/㎖ 내지 약 20 ㎍/㎖의 농도로 사용된다. 완전한 해리는 음성 대조군, 즉 상기 결합 단백질을 갖지 않는 어세이 완충제의 경우에서 관찰된다. 그 다음, 적절한 수단, 예를 들면, 포르테바이오(ForteBio) 소프트웨어를 이용하여 결합 반응의 반응속도 파라미터를 결정한다.

[0067] 용어 "약" 또는 "대략"은 당분야에서 통상의 기술을 가진 자에 의해 측정된 특정 값에 대한 허용가능한 오차 범위 내에 있다는 것을 의미하고, 이것은 부분적으로 상기 값이 어떻게 측정되거나 결정되는 지, 예를 들면, 측정 시스템의 한계에 의존할 것이다. 예를 들면, "약"은 소정의 값에서 관행에 따라 1 이내 또는 1 초과의 표준 편차를 의미할 수 있다. 특정 값이 본원 및 청구범위에 기재되어 있는 경우, 달리 언급되지 않은 한, 용어 "약"은

특정 값에 대한 허용가능한 오차 범위를 의미하는 것으로 추정되어야 한다.

[0068] 용어 "개체", "환자" 또는 "대상체"는 교환가능하게 사용된다. 상기 용어들 중 어느 용어도 건강 관리 종사자(예를 들면, 의사, 등록된 간호사, 임상 간호사, 의사 보조자, 당번병, 또는 호스피스 종사자)의 감독(예를 들면, 항시적 또는 간헐적)을 특징으로 하는 상황을 요구하지 않거나 이러한 상황으로 한정되지 않는다.

[0069] 본원에서 사용된 용어는 특정 경우만을 기술하기 위한 것이고 한정하기 위한 것이 아니다. 본원에서 사용된 바와 같이, 문맥이 달리 명시하지 않은 한, 단수형 용어는 복수형도 포함하기 위한 것이다. 나아가, 용어 "수반하는", "수반한다", "가진", "가진다", "갖고" 또는 이의 이형이 상세한 설명 및/또는 청구범위에서 사용되는 경우, 이러한 용어들은 용어 "포함하는"과 유사한 방식으로 포괄하기 위한 것이다.

[0070] 한 양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 CD3에 특이적으로 결합하는 도메인(A), 인간 알부민(ALB)에 특이적으로 결합하는 도메인(B), 및 BCMA에 특이적으로 결합하는 도메인(C)을 포함한다. BCMA 표적화 삼중특이적 단백질에서 상기 3개의 도메인들은 임의의 순서로 배열된다. 따라서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 도메인 순서는

[0071] H_2N-(A)-(B)-(C)-COOH,

[0072] H_2N-(A)-(C)-(B)-COOH,

[0073] H_2N-(B)-(A)-(C)-COOH,

[0074] H_2N-(B)-(C)-(A)-COOH,

[0075] H_2N-(C)-(B)-(A)-COOH, 또는

[0076] H_2N-(C)-(A)-(B)-COOH

[0077] 일 것으로 예상된다.

[0078] 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 H_2N-(A)-(B)-(C)-COOH의 도메인 순서를 가진다. 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 H_2N-(A)-(C)-(B)-COOH의 도메인 순서를 가진다. 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 H_2N-(B)-(A)-(C)-COOH의 도메인 순서를 가진다. 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 H_2N-(B)-(C)-(A)-COOH의 도메인 순서를 가진다. 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 H_2N-(C)-(B)-(A)-COOH의 도메인 순서를 가진다. 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 H_2N-(C)-(A)-(B)-COOH의 도메인 순서를 가진다. 일부 실시양태에서, 항-BCMA 도메인(항-표적 도메인, T), 항-CD3 도메인(C), 및 항-ALB 도메인(A)은 항-CD3: 항-ALB: 항-BCMA(CAT) 배향으로 존재한다. 일부 실시양태에서, 항-BCMA 도메인(항-표적 도메인, T), 항-CD3 도메인(C) 및 항-ALB 도메인(A)은 항-BCMA: 항-ALB: 항-CD3(TAC) 배향으로 존재한다.

[0079] 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 도메인 순서가 H_2N-(A)-(B)-(C)-COOH 또는 H_2N-(C)-(B)-(A)-COOH이도록 중간 도메인으로서 HSA 결합 도메인을 가진다. ALB 결합 도메인이 중간 도메인인 이러한 실시양태에서, CD3 결합 도메인 및 BCMA 결합 도메인은 그들 각각의 표적에 결합하기 위해 추가 유연성을 부여받을 것으로 생각된다.

[0080] 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 서열 표(서열번호 483 내지 597)에 기재된 서열 또는 이의 하위서열을 가진 폴리펩타이드를 포함한다. 일부 실시양태에서, 삼중특이적 항원 결합 단백질은 서열 표(서열번호 483 내지 597)에 기재된 서열과 적어도 70% 내지 95% 이상의 상동성을 가진 폴리펩타이드를 포함한다. 일부 실시양태에서, 삼중특이적 항원 결합 단백질은 서열 표 1(서열번호 483 내지 597)에 기재된 서열과 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 더 높은 상동성을 가진 폴리펩타이드를 포함한다.

[0081] 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 세포독성 T 세포를 동원함으로써 BCMA를 발현하는 세포의 특이적 표적화를 가능하게 하도록 디자인된다. 이것은 단독 항원에 대해 유도된 전체 길이 항체를 사용하고 세포독성 T 세포를 직접 동원할 수 없는 ADCC(항체 의존적 세포 매개 세포독성)에 비해 효능을 개선한다. 대조적으로, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 이 세포에서 특이적으로 발현된 CD3 분자를 개입시켜, 고도 특이적 방식으로

세포독성 T 세포를 BCMA 발현 세포와 가교결합시킴으로써, 표적 세포에 대한 T 세포의 세포독성 잠재력을 유도할 수 있다. 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 TCR의 부분을 형성하는 표면-발현된 CD3 단백질에 결합함으로써 세포독성 T 세포를 개입시킨다. 여러 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질들과, 특정 세포의 표면에서 발현된 CD3 및 BCMA의 동시적 결합은 T 세포 활성화를 야기하고 특정 BCMA 발현 세포의 후속 용해를 매개한다. 따라서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 강하고 특이적이며 효율적인 표적 세포 사멸을 보여줄 것으로 예상된다. 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 병원성 세포(예를 들면, BCMA를 발현하는 종양 세포)를 제거하기 위해 세포독성 T 세포에 의한 표적 세포 사멸을 자극한다. 이러한 실시양태 중 일부에서, 세포는 선택적으로 제거됨으로써, 독성 부작용에 대한 가능성을 감소시킨다.

[0082] 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 전통적인 단일클론 항체 및 다른 더 작은 이중특이적 분자에 비해 추가 치료 장점을 부여한다. 일반적으로, 재조합 단백질 약물의 효능은 주로 단백질 그 자체의 고유 약동학에 의존한다. 여기서 하나의 이러한 이점은 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질이 반감기 연장 도메인, 예컨대, HSA에 특이적인 도메인을 갖기 때문에 연장된 약동학적 제거 반감기를 가진다는 점이다. 이와 관련하여, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 일부 실시양태에서 약 2일, 3일, 약 5일, 약 7일, 약 10일, 약 12일 또는 약 14일의 연장된 혈청 제거 반감기를 가진다. 이것은 상대적으로 훨씬 더 짧은 제거 반감기를 가진 다른 결합 단백질, 예컨대, BiTE 또는 DART 분자와 대비된다. 예를 들면, BiTE CD19×CD3 이중특이적 scFv-scFv 융합 분자는 그의 짧은 제거 반감기로 인해 연속적인 정맥내 주입(i.v.) 약물 전달을 요구한다. BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 보다 더 긴 고유 반감기는 이 문제를 해결함으로써, 증가된 치료 가능성, 예컨대, 저용량 약물 제제, 감소된 주기적 투여 및/또는 신규 약학 조성물을 가능하게 한다.

[0083] 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 향상된 조직 침투 및 조직 분포를 위한 최적 크기도 가진다. 더 큰 크기는 표적 조직에서의 상기 단백질의 침투 또는 분포를 한정하거나 방해한다. 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 향상된 조직 침투 및 분포를 가능하게 하는 작은 크기를 가짐으로써 이것을 피한다. 따라서, 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 약 50 kD 내지 약 80 kD, 약 50 kD 내지 약 75 kD, 약 50 kD 내지 약 70 kD, 또는 약 50 kD 내지 약 65 kD의 크기를 가진다. 따라서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 크기는 약 150 kD의 크기를 가진 IgG 항체, 및 약 55 kD의 크기를 갖지만 반감기가 연장되지 않으므로 신장을 통해 신속히 제거되는 BiTE 및 DART 디아바디 분자에 비해 유리하다.

[0084] 추가 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 향상된 조직 침투 및 분포를 위한 최적의 크기를 가진다. 이 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 그의 표적에 대한 특이성을 보유하면서 가능한 작도록 구축된다. 따라서, 이 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 약 20 kD 내지 약 40 kD, 또는 약 25 kD 내지 약 35 kD, 약 40 kD, 약 45 kD, 약 50 kD, 약 55 kD, 약 60 kD 또는 약 65 kD의 크기를 가진다. 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 약 50 kD, 49 kD, 48 kD, 47 kD, 46 kD, 45 kD, 44 kD, 43 kD, 42 kD, 41 kD, 40 kD, 약 39 kD, 약 38 kD, 약 37 kD, 약 36 kD, 약 35 kD, 약 34 kD, 약 33 kD, 약 32 kD, 약 31 kD, 약 30 kD, 약 29 kD, 약 28 kD, 약 27 kD, 약 26 kD, 약 25 kD, 약 24 kD, 약 23 kD, 약 22 kD, 약 21 kD 또는 약 20 kD의 크기를 가진다. 작은 크기에의 예시적 접근은 각각의 도메인에 대한 단일 도메인 항체(sdAb) 단편의 사용을 통한 접근이다. 예를 들면, 특정 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질은 항-CD3 sdAb, 항-ALB sdAb 및 BCMA에 대한 sdAb를 가진다. 이것은 예시적 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 크기를 40 kD 미만으로 감소시킨다. 따라서, 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 도메인은 모두 단일 도메인 항체(sdAb) 단편이다. 다른 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 ALB 및/또는 BCMA에 대한 소분자 독립체(SME) 결합제를 포함한다. SME 결합제는 크기가 평균 약 500 내지 2000 Da이고 공지된 방법, 예컨대, 소르타제(sortase) 라이게이션 또는 접합에 의해 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질에 부착된 소분자이다. 이 경우, BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 도메인들 중 하나는 소르타제 인식 서열, 예를 들면, LPETG(서열번호 482)이다. SME 결합제를, 소르타제 인식 서열을 가진 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질에 부착시키기 위해, 상기 단백질을 소르타제 및 SME 결합제와 함께 항온처리함으로써, 소르타제는 SME 결합제를 인식 서열에 부착시킨다. 공지된 SME 결합제는 BCMA에 결합하는 MIP-1072 및 MIP-1095를 포함한다.

[0085] 다른 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 BCMA에 결합하는 도메인은 BCMA에 결합하기 위해 노틴 펩타이드를 포함한다. 노틴은 시스테인 매듭 스카폴드를 가진 디설파이드-안정화된 펩타이드이고 약 3.5 kD의 평균 크기를 가진다. 노틴은 특정 종양 분자, 예컨대, BCMA에 결합할 것으로 예상되었다. 추가 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 BCMA에 결합하는 도메인은 천연 BCMA 리간드를 포함한다.

[0086] 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 또 다른 특징은 이 단백질이 그의 도메인들의 유연한 연결을 가진 단일 폴리펩타이드 디자인의 단백질이라는 점이다. 이것은 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질이 벡터 내로 용이하게 도입될 단일 cDNA 분자에 의해 코딩될 수 있기 때문에 이 단백질의 용이한 생성 및 제조를 가능하게 한다. 추가로, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질이 단량체성 단일 폴리펩타이드 쇄이기 때문에, 쇄 페어링 문제 또는 이량체화에 대한 요구가 없다. 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 다른 보고된 분자, 예컨대, Fc-감마 면역글로불린 도메인을 가진 이중특이적 단백질과 달리 감소된 응집 성향을 가질 것으로 예상된다.

[0087] 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질에서, 도메인들은 내부 링커 L1 및 L2에 의해 연결되고, 이때 L1은 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 제1 도메인과 제2 도메인을 연결하고, L2는 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 제2 도메인과 제3 도메인을 연결한다. 링커 L1과 L2는 최적화된 길이 및/또는 아미노산 조성을 가진다. 일부 실시양태에서, 링커 L1과 L2는 동일한 길이 및 아미노산 조성을 가진다. 다른 실시양태에서, L1과 L2는 상이하다. 일부 실시양태에서, 내부 링커 L1 및/또는 L2는 "짧다", 즉 0개, 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개 또는 12개의 아미노산 잔기로 구성된다. 따라서, 일부 경우, 내부 링커는 약 12개 이하의 아미노산 잔기로 구성된다. 0개의 아미노산 잔기의 경우, 내부 링커는 펩타이드 결합이다. 일부 실시양태에서, 내부 링커 L1 및/또는 L2는 "길다", 즉 15개, 20개 또는 25개의 아미노산 잔기로 "구성된다". 일부 실시양태에서, 이 내부 링커는 약 3개 내지 약 15개, 예를 들면, 8개, 9개 또는 10개의 인접 아미노산 잔기로 구성된다. 내부 링커 L1 및 L2의 아미노산 조성에 관하여, 유연성을 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질에 부여하고 결합 도메인을 방해하지 않을 뿐만 아니라 프로테아제로부터의 절단에 저항하는 성질을 가진 펩타이드가 선택된다. 예를 들면, 글리신 및 세린 잔기는 일반적으로 프로테아제 내성을 제공한다. BCMA 표적화 삼중특이적 단백질에서 도메인들을 연결하는 데 적합한 내부 링커의 예로는 $(GS)_n$(서열번호 472), $(GGS)_n$(서열번호 473), $(GGGS)_n$(서열번호 474), $(GGSG)_n$(서열번호 475), $(GGSGG)_n$(서열번호 476), $(GGGGS)_n$(서열번호 477), $(GGGGG)_n$(서열번호 478) 또는 $(GGG)_n$(서열번호 479)가 있으나 이들로 한정되지 않고, 이때 n은 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 또는 10이다. 한 실시양태에서, 내부 링커 L1 및/또는 L2는 $(GGGGS)_4$(서열번호 480) 또는 $(GGGGS)_3$(서열번호 481)이다.

[0088] **CD3 결합 도메인**

[0089] T 세포의 반응의 특이성은 TCR에 의한 (주조직적합성 복합체, 즉 MHC의 환경 하에서 표시된) 항원의 인식에 의해 매개된다. TCR의 부분으로서, CD3은 세포 표면에 존재하는 CD3γ(감마) 쇄, CD3δ(델타) 쇄 및 2개의 CD3ε(엡실론) 쇄를 포함하는 단백질 복합체이다. CD3은 TCR의 α(알파) 및 β(베타)) 쇄뿐만 아니라 CD3ζ(제타)와도 함께 결합하여 완전한 TCR을 구성한다. 예컨대, 고정된 항-CD3 항체에 의한 T 세포에서의 CD3의 클러스터링은 T 세포 수용체의 개입과 유사하되 그의 클론 전형적 특이성과 무관하게 T 세포 활성화를 유발한다.

[0090] 한 양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 CD3에 특이적으로 결합하는 도메인을 포함한다. 한 양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 인간 CD3에 특이적으로 결합하는 도메인을 포함한다. 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 CD3γ에 특이적으로 결합하는 도메인을 포함한다. 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 CD3δ에 특이적으로 결합하는 도메인을 포함한다. 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 CD3ε에 특이적으로 결합하는 도메인을 포함한다.

[0091] 추가 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 TCR에 특이적으로 결합하는 도메인을 포함한다. 일부 경우, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 TCR의 α 쇄에 특이적으로 결합하는 도메인을 포함한다. 일부 경우, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 TCR의 β 쇄에 특이적으로 결합하는 도메인을 포함한다.

[0092] 일부 실시양태에서, BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 CD3 결합 도메인은 단일클론 항체, 다중클론 항체, 재조합 항체, 인간 항체, 인간화된 항체로부터의 도메인들을 포함하나 이들로 한정되지 않는, CD3에 결합하는 임의의 도메인일 수 있다. 일부 경우, CD3 결합 도메인은 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질이 궁극적으로 사용될 종과 동일한 종으로부터 유래하는 것이 유리하다. 예를 들면, 인간에서 사용하는 경우, BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 CD3 결합 도메인은 항체 또는 항체 단편의 항원 결합 도메인으로부터의 인간 또는 인간화된 잔기를 포함하는 것이 유리할 수 있다.

[0093] 따라서, 한 양태에서, 항원 결합 도메인은 인간화된 또는 인간 항체 또는 항체 단편, 또는 뮤린 항체 또는 항체 단편을 포함한다. 한 실시양태에서, 인간화된 또는 인간 항-CD3 결합 도메인은 본원에 기재된 인간화된 또는 인

간 항-CD3 결합 도메인의 하나 이상(예를 들면, 모든 3개)의 경쇄 상보성 결정 영역 1(LC CDR1), 경쇄 상보성 결정 영역 2(LC CDR2) 및 경쇄 상보성 결정 영역 3(LC CDR3), 및/또는 본원에 기재된 인간화된 또는 인간 항-CD3 결합 도메인, 예를 들면, 하나 이상, 예를 들면, 모든 3개의 LC CDR들 및 하나 이상, 예를 들면, 모든 3개의 HC CDR들을 포함하는 인간화된 또는 인간 항-CD3 결합 도메인의 하나 이상(예를 들면, 모든 3개)의 중쇄 상보성 결정 영역 1(HC CDR1), 중쇄 상보성 결정 영역 2(HC CDR2) 및 중쇄 상보성 결정 영역 3(HC CDR3)을 포함한다.

[0094] 일부 실시양태에서, 인간화된 또는 인간 항-CD3 결합 도메인은 CD3에 특이적인 인간화된 또는 인간 경쇄 가변 영역을 포함하고, 이때 CD3에 특이적인 경쇄 가변 영역은 인간 경쇄 프레임워크 영역 내에 인간 또는 비인간 경쇄 CDR을 포함한다. 일부 경우, 경쇄 프레임워크 영역은 λ(람다) 경쇄 프레임워크이다. 다른 경우, 경쇄 프레임워크 영역은 κ(카파) 경쇄 프레임워크이다.

[0095] 일부 실시양태에서, 인간화된 또는 인간 항-CD3 결합 도메인은 CD3에 특이적인 인간화된 또는 인간 중쇄 가변 영역을 포함하고, 이때 CD3에 특이적인 중쇄 가변 영역은 인간 중쇄 프레임워크 영역 내에 인간 또는 비인간 중쇄 CDR을 포함한다.

[0096] 일부 경우, 중쇄 및/또는 경쇄의 상보성 결정 영역은 공지된 항-CD3 항체, 예를 들면, 뮤로모납(muromonab)-CD3(OKT3), 오텔릭시주맙(otelixizumab)(TRX4), 테플리주맙(teplizumab)(MGA031), 비실리주맙(visilizumab)(Nuvion), SP34, TR-66 또는 X35-3, VIT3, BMA030(BW264/56), CLB-T3/3, CRIS7, YTH12.5, F111-409, CLB-T3.4.2, TR-66, WT32, SPv-T3b, 11D8, XIII-141, XIII-46, XIII-87, 12F6, T3/RW2-8C8, T3/RW2-4B6, OKT3D, M-T301, SMC2, F101.01, UCHT-1 및 WT-31로부터 유래한다.

[0097] 한 실시양태에서, 항-CD3 결합 도메인은 본원에서 제공된 아미노산 서열의 경쇄 및 중쇄를 포함하는 단일 쇄 가변 단편(scFv)이다. 본원에서 사용된 바와 같이, "단일 쇄 가변 단편" 또는 "scFv"는 경쇄의 가변 영역을 포함하는 항체 단편 및 중쇄의 가변 영역을 포함하는 적어도 하나의 항체 단편을 지칭하고, 이때 경쇄 가변 영역과 중쇄 가변 영역은 짧은 유연한 폴리펩타이드 링커를 통해 인접하여 연결되고, 단일 폴리펩타이드 쇄로서 발현될 수 있고, scFv는 그 자신의 기원인 온전한 항체의 특이성을 보유한다. 한 실시양태에서, 항-CD3 결합 도메인은 본원에서 제공된 경쇄 가변 영역의 아미노산 서열의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형(예를 들면, 치환)을 갖되 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형(예를 들면, 치환)을 가진 아미노산 서열, 또는 본원에서 제공된 아미노산 서열과 95% 내지 99% 동일한 서열을 포함하는 경쇄 가변 영역; 및/또는 본원에서 제공된 중쇄 가변 영역의 아미노산 서열의 적어도 1개, 2개 또는 3개의 변형(예를 들면, 치환)을 갖되 30개, 20개 또는 10개 이하의 변형(예를 들면, 치환)을 가진 아미노산 서열, 또는 본원에서 제공된 아미노산 서열과 95% 내지 99% 동일한 서열을 포함하는 중쇄 가변 영역을 포함한다. 한 실시양태에서, 인간화된 또는 인간 항-CD3 결합 도메인은 scFv이고, 본원에 기재된 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 영역은 scFv 링커를 통해 본원에 기재된 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 영역에 부착된다. scFv의 경쇄 가변 영역 및 중쇄 가변 영역은 예를 들면, 하기 배향들 중 임의의 배향으로 존재할 수 있다: 경쇄 가변 영역-scFv 링커-중쇄 가변 영역 또는 중쇄 가변 영역- scFv 링커-경쇄 가변 영역.

[0098] 일부 경우, CD3에 결합하는 scFv는 공지된 방법에 따라 제조된다. 예를 들면, scFv 분자는 유연한 폴리펩타이드 링커를 사용하여 VH 영역과 VL 영역을 함께 연결함으로써 생성될 수 있다. scFv 분자는 최적화된 길이 및/또는 아미노산 조성을 가진 scFv 링커(예를 들면, Ser-Gly 링커)를 포함한다. 따라서, 일부 실시양태에서, scFv 링커의 길이는 VH 또는 VL 도메인이 다른 가변 도메인과 분자간 결합하여 CD3 결합 부위를 형성할 수 있을 정도의 길이이다. 일부 실시양태에서, 이러한 scFv 링커는 "짧다", 즉 0개, 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개 또는 12개의 아미노산 잔기로 구성된다. 따라서, 일부 경우, scFv 링커는 약 12개 이하의 아미노산 잔기로 구성된다. 0개의 아미노산 잔기의 경우, scFv 링커는 펩타이드 결합이다. 일부 실시양태에서, 이 scFv 링커는 약 3개 내지 약 15개, 예를 들면, 8개, 9개 또는 10개의 인접 아미노산 잔기로 구성된다. scFv 링커의 아미노산 조성에 관하여, 유연성을 부여하고 가변 도메인을 방해하지 않을 뿐만 아니라, 2개의 가변 도메인들이 함께 기능적 CD3 결합 부위를 형성하도록 쇄간 폴딩을 가능하게 하는 펩타이드가 선택된다. 예를 들면, 글리신 및 세린 잔기를 포함하는 scFv 링커는 일반적으로 프로테아제 내성을 제공한다. 일부 실시양태에서, scFv의 링커는 글리신 및 세린 잔기를 포함한다. scFv 링커의 아미노산 서열은 예를 들면, scFv의 CD3 결합 및 생성 수율을 개선하기 위해 파지 디스플레이 방법에 의해 최적화될 수 있다. scFv에서 가변 경쇄 도메인과 가변 중쇄 도메인을 연결하는 데 적합한 펩타이드 scFv 링커의 예로는 $(GS)_n$(서열번호 472), $(GGS)_n$(서열번호 473), $(GGGS)_n$(서열번호 474), $(GGSG)_n$(서열번호 475), $(GGSGG)_n$(서열번호 476), $(GGGGS)_n$(서열번호 477), $(GGGGG)_n$(서

열번호 478) 또는 $(GGG)_n$(서열번호 479)가 있으나 이들로 한정되지 않고, 이때 n은 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 또는 10이다. 한 실시양태에서, 내부 링커 L1 및/또는 L2는 $(GGGGS)_4$(서열번호 480) 또는 $(GGGGS)_3$(서열번호 481)이다. 링커 길이의 변경은 활성을 보유하거나 향상시켜, 활성 연구에서 더 우수한 효능을 발생시킬 수 있다.

[0099] 일부 실시양태에서, BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 CD3 결합 도메인은 1000 nM 이하, 500 nM 이하, 200 nM 이하, 100 nM 이하, 80 nM 이하, 50 nM 이하, 20 nM 이하, 10 nM 이하, 5 nM 이하, 1 nM 이하 또는 0.5 nM 이하의 K_D로 CD3 발현 세포의 CD3에 대한 친화성을 가진다. 일부 실시양태에서, BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 CD3 결합 도메인은 1000 nM 이하, 500 nM 이하, 200 nM 이하, 100 nM 이하, 80 nM 이하, 50 nM 이하, 20 nM 이하, 10 nM 이하, 5 nM 이하, 1 nM 이하 또는 0.5 nM 이하의 K_D로 CD3ε, γ 또는 δ에 대한 친화성을 가진다. 추가 실시양태에서, BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 CD3 결합 도메인은 CD3에 대한 낮은 친화성, 즉 약 100 nM 이상을 가진다.

[0100] CD3에 대한 결합 친화성은 예를 들면, 어세이 플레이트에 코팅되어 있거나, 미생물 세포 표면에 표시되어 있거나, 용액에 존재하는 CD3에 결합하는 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질 그 자체 또는 이의 CD3 결합 도메인의 능력에 의해 측정될 수 있다. CD3에 대한 본 개시의 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질 그 자체 또는 그의 CD3 결합 도메인의 결합 활성은 리간드(예를 들면, CD3) 또는 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질 그 자체 또는 이의 CD3 결합 도메인을 비드, 기판, 세포 등에 고정시킴으로써 어세이될 수 있다. 물질은 적절한 완충제 및 결합 파트너에 첨가될 수 있고 소정의 온도에서 일정한 시간 동안 항온처리될 수 있다. 결합되지 않은 물질을 제거하기 위한 세척 후, 결합된 단백질은 예를 들면, SDS, 높은 pH를 가진 완충제 등에 의해 방출될 수 있고, 예를 들면, 표면 플라스몬 공명(SPR)에 의해 분석될 수 있다.

[0101] **반감기 연장 도메인**

[0102] 본원은 항원 결합 도메인의 반감기를 연장시키는 도메인을 예상한다. 이러한 도메인은 알부민 결합 도메인, Fc 도메인, 소분자, 및 당분야에서 공지된 다른 반감기 연장 도메인을 포함하나 이들로 한정되지 않을 것으로 예상된다.

[0103] 인간 알부민(ALB)(약 67 kDa의 분자 질량)은 혈장에서 가장 풍부한 단백질이고, 약 50 mg/mℓ(600 μM)로 존재하고, 인간에서 대략 20일의 반감기를 가진다. ALB는 혈장 pH를 유지하는 데 도움을 주고, 콜로이드성 혈압에 기여하고, 많은 대사물질들 및 지방산들의 담체로서 작용하고, 혈장에서 주요 약물 수송 단백질로서의 역할을 한다.

[0104] 알부민과의 비-공유 결합은 짧은 생존 단백질의 제거 반감기를 연장시킨다. 예를 들면, 알부민 결합 도메인과 Fab 단편의 재조합 융합은 Fab 단편 단독의 투여에 비해 마우스 및 토끼에게 정맥내로 투여되었을 때 각각 25배 및 58배의 생체내 제거 및 26배 및 37배의 반감기 연장을 야기하였다. 또 다른 예에서, 인슐린이 알부민과의 결합을 촉진하기 위해 지방산에 의해 아실화된 경우, 토끼 또는 돼지에 피하 주사되었을 때 연장된 효과가 관찰되었다. 아울러, 이 연구는 알부민 결합과 연장된 작용 사이의 연관성을 입증한다.

[0105] 한 양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 반감기 연장 도메인, 예를 들면, ALB에 특이적으로 결합하는 도메인을 포함한다. 일부 실시양태에서, BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 ALB 결합 도메인은 단일클론 항체, 다중클론 항체, 재조합 항체, 인간 항체, 인간화된 항체로부터의 도메인들을 포함하나 이들로 한정되지 않는, ALB에 결합하는 임의의 도메인일 수 있다. 일부 실시양태에서, ALB 결합 도메인은 HSA에 특이적인 단일 쇄 가변 단편(scFv), 단일 도메인 항체, 예컨대, 중쇄 가변 도메인(VH), 경쇄 가변 도메인(VL) 및 낙타과 유래의 단일 도메인 항체의 가변 도메인(VHH), 펩타이드, 리간드 또는 소분자 독립체이다. 일부 실시양태에서, ALB 결합 도메인은 단일 도메인 항체이다. 다른 실시양태에서, HSA 결합 도메인은 펩타이드이다. 추가 실시양태에서, HSA 결합 도메인은 소분자이다. BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 HSA 결합 도메인은 꽤 작고, 일부 실시양태에서 25 kD 이하, 20 kD이하, 15 kD이하 또는 10 kD 이하일 것으로 예상된다. 일부 경우, ALB 결합은 펩타이드 또는 소분자 독립체인 경우 5 kD 이하이다

[0106] BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 반감기 연장 도메인은 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질 그 자체의 변경된 약력학 및 약동학을 제공한다. 전술된 바와 같이, 반감기 연장 도메인은 제거 반감기를 연장시킨다. 반감기 연장 도메인은 삼중특이적 항원 결합 단백질의 조직 분포, 침투 및 확산의 변경을 포함하는 약동학적 성질도 변경시킨다. 일부 실시양태에서, 반감기 연장 도메인은 반감기 연장 도메인을 갖지 않은 단백질에 비해 개선된 조

직(종양을 포함함) 표적화, 조직 분포, 조직 침투, 조직 내에서의 확산, 및 향상된 효능을 제공한다. 한 실시양태에서, 치료 방법은 감소된 양의 삼중특이적 항원 결합 단백질을 효과적으로 및 효율적으로 사용하여, 부작용, 예컨대, 비-종양 세포 세포독성을 감소시킨다.

[0107] 추가로, 반감기 연장 도메인의 결합 친화성은 특정 삼중특이적 항원 결합 단백질에서 특정 제거 반감기를 표적화하도록 선택될 수 있다. 따라서, 일부 실시양태에서, 반감기 연장 도메인은 높은 결합 친화성을 가진다. 다른 실시양태에서, 반감기 연장 도메인은 중간 결합 친화성을 가진다. 다른 실시양태에서, 반감기 연장 도메인은 낮은 또는 미미한 결합 친화성을 가진다. 예시적 결합 친화성은 10 nM 이하(높은), 10 nM 내지 100 nM(중간), 및 100 nM 초과(낮은)의 KD 농도를 포함한다. 전술된 바와 같이, ALB에 대한 결합 친화성은 공지된 방법, 예컨대, 표면 플라스몬 공명(SPR)에 의해 측정된다.

[0108] 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 ALB 결합 도메인은 단일 도메인 항체를 포함한다.

[0109] **B 세포 성숙 항원(BCMA) 결합 도메인**

[0110] B 세포 성숙 항원(BCMA, TNFRSF17, CD269)은 주로 말기 분화된 B 세포에서 발현되는 종양 괴사 패밀리 수용체(TNFR) 수퍼패밀리에 속하는 막횡단 단백질이다. BCMA 발현은 B 세포 계통으로 제한되고, 주로 형질 세포 및 형질모세포에 존재하고 기억 B 세포에 어느 정도 존재하나, 말초 및 미감작 B 세포에는 사실상 부재한다. BCMA는 다발성 골수종(MM) 세포, 백혈병 세포 및 림프종 세포에서도 발현된다.

[0111] BCMA는 인간 장 T 세포 림프종에서 발견된 t(4;16)(q26;p13) 전위의 분자 분석을 통해 확인되었고, 인-프레임(in-frame) 서열은 16p13.1 염색체 밴드에 맵핑되었다.

[0112] 인간 BCMA cDNA는 184개 아미노산 폴리펩타이드를 코딩하는 552 bp의 오픈 리딩 프레임을 가진다. BCMA 유전자는 GT 기증자 및 AG 수용자 컨센서스 스플라이싱 부위에 의해 각각 플랭킹된 2개의 인트론에 의해 분리되어 있고 1.2 kb의 전사체를 코딩하는 3개의 엑손으로 조직화되어 있다. BCMA 단백질의 구조는 알파-나선 구조에서 중심 24개 아미노산 소수성 영역에 기반을 둔 일체형 막횡단 단백질을 포함한다.

[0113] 뮤린 BCMA 유전자는 인간 16p13 영역에 신테닉한(syntenic) 16번 염색체에 위치하고, 2개의 인트론에 의해 분리된 3개의 엑손도 포함한다. 상기 유전자는 185개 아미노산 단백질을 코딩한다. 뮤린 BCMA mRNA는 형질세포종 세포(J55)에서 최고 수준으로, 그리고 A20 B 세포 림프종 세포주에서 적당한 수준으로 404 bp 전사체로서 발현된다. 뮤린 BCMA mRNA 전사체는 T 세포 및 수지상 세포 유래의 인간 세포주와 대조적으로 T 세포 림프종(EL4, BW5147) 및 수지상 세포(CB1D6, D2SC1) 세포주에서도 낮은 수준으로 검출되었다. 뮤린 BCMA cDNA 서열은 인간 BCMA cDNA 서열과 69.3%의 뉴클레오타이드 동일성을 갖고 이들 두 cDNA 서열들 사이에 코딩 영역을 비교할 때 다소 더 높은 동일성(73.7%)을 가진다. 마우스 BCMA 단백질은 인간 BCMA 단백질과 62% 동일하고, 인간 BCMA처럼 내부 막횡단 분절일 수 있는 단일 소수성 영역을 함유한다. 뮤린 및 인간 BCMA 단백질 둘 다의 N-말단 40개 아미노산 도메인은 6개의 보존된 시스테인 잔기를 갖고, 이 사실은 TNFR의 세포외 도메인에서 발견된 시스테인 반복부 모티프의 형성과 일치한다. TNFR 수퍼패밀리의 구성원과 유사하게, BCMA 단백질은 첫 번째 시스테인부터 C-말단 쪽으로 보존된 방향족 잔기 4개 내지 6개의 잔기를 함유한다.

[0114] BCMA는 세포 표면에서 발현되기보다는 오히려 골지체에 위치한다. BCMA 발현의 양은 세포 분화의 단계에 비례하다(형질 세포에서 가장 높음).

[0115] BCMA는 그와 그의 리간드 BAFF(TALL-1 또는 TNFSF13B로서도 표기되는 B 세포 활성화 인자) 및 APRIL(A 증식 유도 리간드)의 상호작용으로 인해 B 세포 발생 및 항상성에 관여한다.

[0116] BCMA는 그의 패밀리 구성원 TACI(막횡단 활성화제 및 사이클로필린 리간드 상호작용제) 및 BAFF-R(종양 괴사 인자 수용체 수퍼패밀리 구성원 13C로서도 공지된 B 세포 활성화 인자 수용체)과 함께 체액성 면역, B 세포 발생 및 항상성의 상이한 양태를 조절한다. BCMA의 발현은 B 세포 분화에서 오히려 늦게 나타나고 골수에서 형질모세포 및 형질 세포의 장기간 생존에 기여한다. BCMA는 다발성 골수종(MM) 세포의 생장 및 생존도 뒷받침한다.

[0117] BCMA는 장기간 체액성 면역을 유지하는 형질 세포의 생존을 매개하는 데 있어서 그의 기능적 활성에 대해 주로 알려져 있다.

[0118] BCMA의 과다발현과 관련된 고형 종양 질환, 예컨대, 암, 다발성 골수종, 백혈병 및 림프종에 대한 치료 선택안을 가질 필요가 있다. 일부 실시양태에서, 본 개시는 종양 표적 세포의 표면에서 BCMA에 특이적으로 결합하는 단일 도메인 단백질을 제공한다.

[0119] 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 디자인은 BCMA에 대한 결합 도메인이 단일클론 항체, 다중클론 항체, 재조합 항체, 인간 항체, 인간화된 항체로부터의 도메인들을 포함하나 이들로 한정되지 않는 임의의 유형의 결합 도메인일 수 있다는 점에서 BCMA에 대한 결합 도메인이 유연성을 가질 수 있게 한다. 일부 실시양태에서, BCMA에 대한 결합 도메인은 단일 쇄 가변 단편(scFv), 단일 도메인 항체, 예컨대, 중쇄 가변 도메인(VH), 경쇄 가변 도메인(VL), 및 낙타과 유래의 단일 도메인 항체의 가변 도메인(VHH)이다. 다른 실시양태에서, BCMA에 대한 결합 도메인은 비-Ig 결합 도메인, 즉 항체 모방 물질, 예컨대, 안티칼린(anticalin), 아필린(affilin), 아피바디(affibody) 분자, 아피머(affimer), 아피틴(affitin), 알파바디(alphabody), 아비머(avimer), DARPin, 피노머(fynomer), 쿠니츠(kunitz) 도메인 펩타이드 및 모노바디이다. 추가 실시양태에서, BCMA에 대한 결합 도메인은 BCMA와 결합하거나 회합하는 리간드 또는 펩타이드이다. 추가 실시양태에서, BCMA에 대한 결합 도메인은 노틴이다. 추가 실시양태에서, BCMA에 대한 결합 도메인은 소분자 독립체이다.

[0120] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 도메인은 서열번호 469, 470 또는 471의 서열을 포함하는 단백질에 결합한다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 도메인은 서열번호 469, 470 또는 471에 비해 절두된(trucated) 서열을 포함하는 단백질에 결합한다.

[0121] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 도메인은 항-BCMA 항체 또는 항체 변이체이다. 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "항체 변이체"는 본원에 기재된 항체의 변이체 및 유도체를 지칭한다. 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 항-BCMA 항체의 아미노산 서열 변이체가 예상된다. 예를 들면, 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 항-BCMA 항체의 아미노산 서열 변이체는 상기 항체의 결합 친화성 및/또는 다른 생물학적 성질을 개선할 것으로 예상된다. 아미노산 변이체를 제조하는 예시적 방법은 항체를 코딩하는 뉴클레오타이드 서열 내로의 적절한 변형의 도입 및 펩타이드 합성을 포함하나 이들로 한정되지 않는다. 이러한 변형은 예를 들면, 항체의 아미노산 서열로부터의 잔기의 결실, 및/또는 이러한 아미노산 서열 내로의 잔기의 삽입, 및/또는 이러한 아미노산 서열 내에서의 잔기의 치환을 포함한다.

[0122] 최종 구축물이 원하는 특성, 예를 들면, 항원 결합을 갖는 한, 최종 구축물에 도달하기 위해 결실, 삽입 및 치환의 임의의 조합을 만들 수 있다. 일부 실시양태에서, 하나 이상의 아미노산 치환을 가진 항체 변이체가 제공된다. 치환 돌연변이유발을 위한 관심 있는 부위는 CDR 및 프레임워크 영역을 포함한다. 이러한 치환의 예는 이하에 기재되어 있다. 아미노산 치환을 관심 있는 항체 내로 도입할 수 있고 원하는 활성, 예를 들면, 보유된/개선된 항원 결합, 감소된 면역원성 또는 개선된 T 세포 매개 세포독성(TDCC)에 대해 생성물을 스크리닝할 수 있다. 항체 변이체를 제조하기 위해 보존적 아미노산 치환 및 비-보존적 아미노산 치환 둘 다가 고려된다.

[0123] 변이체 항-BCMA 항체를 생성하기 위한 치환의 또 다른 예에서, 모 항체의 하나 이상의 초가변 영역 잔기를 치환한다. 일반적으로, 모 항체에 비해 원하는 성질의 개선, 예를 들면, 증가된 친화성, 감소된 친화성, 감소된 면역원성, 결합의 증가된 pH 의존성을 기준으로 변이체를 선택한다.

[0124] 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 BCMA 결합 도메인은 BCMA에 특이적인 단일 도메인 항체, 예컨대, 중쇄 가변 도메인(VH), 라마 유래의 sdAb의 가변 도메인(VHH), 펩타이드, 리간드 또는 소분자 독립체이다. 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 BCMA 결합 도메인은 단일클론 항체, 다중클론 항체, 재조합 항체, 인간 항체, 인간화된 항체로부터의 도메인들을 포함하나 이들로 한정되지 않는, BCMA에 결합하는 임의의 도메인이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 도메인은 단일 도메인 항체이다. 다른 실시양태에서, BCMA 결합 도메인은 펩타이드이다. 추가 실시양태에서, BCMA 결합 도메인은 소분자이다.

[0125] 일반적으로, 본원에서 그의 가장 넓은 의미로 사용된 용어 단일 도메인 항체는 특정 생물학적 공급원 또는 특정 제조 방법으로 한정되지 않는다는 것을 인지해야 한다. 단일 도메인 항체는 그의 상보성 결정 영역이 단일 도메인 폴리펩타이드의 부분인 항체이다. 예로는 중쇄 항체, 천연적으로 경쇄를 결여한 항체, 통상적인 4-쇄 항체로부터 유래한 단일 도메인 항체, 조작된 항체, 및 항체로부터 유래한 단일 도메인 스카폴드 이외의 단일 도메인 스카폴드가 있으나, 이들로 한정되지 않는다. 단일 도메인 항체는 임의의 현재의 또는 임의의 미래의 단일 도메인 항체일 수 있다. 단일 도메인 항체는 마우스, 인간, 낙타, 라마, 염소, 토끼, 소를 포함하나 이들로 한정되지 않는 임의의 종으로부터 유래할 수 있다. 예를 들면, 일부 실시양태에서, 본 개시의 단일 도메인 항체는 (1) 천연 생성 중쇄 항체의 VHH 도메인의 단리; (2) 천연 생성 VHH 도메인을 코딩하는 뉴클레오타이드 서열의 발현; (3) 천연 생성 VHH 도메인의 "인간화" 또는 이러한 인간화된 VHH 도메인을 코딩하는 핵산의 발현; (4) 임의의 동물 종, 특히 포유동물의 종, 예컨대, 인간으로부터의 천연 생성 VH 도메인의 "낙타화", 또는 이러한 낙타화된 VH 도메인을 코딩하는 핵산의 발현; (5) "도메인 항체" 또는 "Dab"의 "낙타화", 또는 이러한 낙타화된 VH 도메인을 코딩하는 핵산의 발현; (6) 단백질, 폴리펩타이드 또는 다른 아미노산 서열을 제조하는 합성 또는 반합성

기법의 이용; (7) 당분야에서 공지된 핵산 합성 기법을 이용한 단일 도메인 항체를 코딩하는 핵산의 제조 후, 이로써 수득된 핵산의 발현; 및/또는 (8) 상기 방법들 중 하나 이상의 방법의 임의의 조합에 의해 수득된다.

[0126] 한 실시양태에서, 단일 도메인 항체는 BCMA에 대해 유도된 천연 생성 중쇄 항체의 VHH 도메인에 상응한다. 본원에 더 기재된 바와 같이, 이러한 VHH 서열은 일반적으로 라마로부터 적합한 생물학적 샘플(예컨대, 혈액 샘플, 혈청 샘플 또는 B 세포의 샘플)을 수득하고 당분야에서 공지된 임의의 적합한 기법을 이용하여 상기 샘플로부터 출발하여 BCMA에 대해 유도된 VHH 서열을 생성함으로써, BCMA를 가진 상기 라마의 종을 적절히(즉, BCMA에 대해 유도된 면역 반응 및/또는 중쇄 항체를 생성하도록) 면역화시킴으로써 생성될 수 있거나 수득될 수 있다.

[0127] 또 다른 실시양태에서, BCMA에 대한 이러한 천연 생성 VHH 도메인은 예를 들면, 당분야에서 공지된 하나 이상의 스크리닝 기법을 이용하고 BCMA, 또는 이의 적어도 하나의 부분, 단편, 항원성 결정인자 또는 에피토프를 사용하여 낙타과 VHH 서열의 미감작 라이브러리를 스크리닝함으로써 이러한 라이브러리로부터 수득된다. 이러한 라이브러리 및 기법은 예를 들면, 국제 특허출원 공보 제WO 99/37681호, 제WO 01/90190호, 제WO 03/025020호 및 제WO 03/035694호에 기재되어 있다. 대안적으로, 미감작 VHH 라이브러리로부터 유래한 개선된 합성 또는 반합성 라이브러리, 예를 들면, 국제 특허출원 공보 제WO 00/43507호에 기재된 무작위 돌연변이유발 및/또는 CDR 셔플링과 같은 기법에 의해 미감작 VHH 라이브러리로부터 수득된 VHH 라이브러리가 사용된다.

[0128] 추가 실시양태에서, BCMA에 대해 유도된 VHH 서열을 수득하는 또 다른 기법은 중쇄 항체를 발현할 수 있는 형질전환 포유동물을 적절히(즉, BCMA에 대해 유도된 면역 반응 및/또는 중쇄 항체를 생성하도록) 면역화시키는 단계; 상기 형질전환 포유동물로부터 적합한 생물학적 샘플(예컨대, 혈액 샘플, 혈청 샘플 또는 B 세포의 샘플)을 수득하는 단계; 및 이어서 당분야에서 공지된 임의의 적합한 기법을 이용하여 상기 샘플로부터 출발하여 BCMA에 대해 유도된 VHH 서열을 생성하는 단계를 포함한다. 예를 들면, 이 목적으로, 국제 특허출원 공보 제WO 02/085945호 및 제WO 04/049794호에 기재된 중쇄 항체 발현 래트 또는 마우스 및 추가 방법 및 기법이 이용될 수 있다.

[0129] 일부 실시양태에서, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 항-BCMA 단일 도메인 항체는 천연 생성 VHH 도메인의 아미노산 서열에 상응하되, "인간화된", 즉 상기 천연 생성 VHH 서열의 아미노산 서열(특히, 프레임워크 서열)에서 하나 이상의 아미노산 잔기가 (예를 들면, 상기 표시된 바와 같이) 인간으로부터의 통상적인 4-쇄 항체로부터의 VH 도메인 내의 상응하는 위치(들)에 존재하는 하나 이상의 아미노산 잔기로 대체된 아미노산 서열을 가진 단일 도메인 항체를 포함한다. 이것은 예를 들면, 본원의 추가 설명을 기반으로 숙련된 자에게 자명할, 당분야에서 공지된 방식으로 수행될 수 있다. 또한, 본 개시의 이러한 인간화된 항-BCMA 단일 도메인 항체는 공지된 임의의 적합한 방식 그 자체(즉, 상기 (1) 내지 (8)에 기재됨)로 수득되므로, 출발 물질로서 천연 생성 VHH 도메인을 포함하는 폴리펩타이드를 사용함으로써 수득된 폴리펩타이드로 엄격히 한정되지 않는다는 것을 인지해야 한다. 일부 추가 실시양태에서, 본원에 기재된 바와 같이, 단일 도메인 항-BCMA 항체는 천연 생성 VH 도메인의 아미노산 서열에 상응하되, "낙타화된", 즉 통상적인 4-쇄 항체로부터의 천연 생성 VH 도메인의 아미노산 서열에서 하나 이상의 아미노산 잔기가 중쇄 항체의 VHH 도메인 내의 상응하는 위치(들)에 존재하는 하나 이상의 아미노산 잔기로 대체된 아미노산 서열을 가진 단일 도메인 항체를 포함한다. 이러한 "낙타화" 치환은 바람직하게는 VH-VL 경계를 형성하고/하거나 이 경계에 존재하는 아미노산 위치, 및/또는 소위 낙타과 특징 잔기에서 삽입된다(예를 들면, 국제 특허출원 공보 제WO 94/04678호 및 문헌(Davies and Riechmann (1994 and 1996)) 참조). 바람직하게는, 낙타화된 단일 도메인을 생성하거나 디자인하는 데 있어서 출발 물질 또는 출발 점으로서 사용된 VH 서열은 바람직하게는 포유동물로부터의 VH 서열, 보다 바람직하게는 인간의 VH 서열, 예컨대, VH3 서열이다. 그러나, 일부 실시양태에서, 본 개시의 이러한 낙타화된 항-BCMA 단일 도메인 항체는 당분야에서 공지된 임의의 적합한 방식(즉, 상기 (1) 내지 (8)에 기재됨)으로 수득되므로, 출발 물질로서 천연 생성 VH 도메인을 포함하는 폴리펩타이드를 사용함으로써 수득된 폴리펩타이드로 엄격히 한정되지 않는다는 것을 인지해야 한다. 예를 들면, 본원에 더 기재된 바와 같이, "인간화" 및 "낙타화"는 각각 천연 생성 VHH 도메인 또는 VH 도메인을 코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 제공한 후, 새로운 뉴클레오타이드 서열이 각각 "인간화된" 또는 "낙타화된" 단일 도메인 항체를 코딩하는 방식으로 상기 뉴클레오타이드 서열에서 하나 이상의 코돈을 바꿈으로써 수행된다. 그 다음, 본 개시의 원하는 항-BCMA 단일 도메인 항체를 제공하도록 이 핵산을 발현시킬 수 있다. 대안적으로, 다른 실시양태에서, 각각 천연 생성 VHH 도메인 또는 VH 도메인의 아미노산 서열을 기반으로 본 개시의 원하는 인간화된 또는 낙타화된 항-BCMA 단일 도메인 항체의 아미노산 서열을 디자인한 후, 공지된 펩타이드 합성 기법을 이용하여 드 노보 합성한다. 일부 실시양태에서, 각각 천연 생성 VHH 도메인 또는 VH 도메인의 아미노산 서열 또는 뉴클레오타이드 서열을 기반으로 본 개시의 원하는 인간화된 또는 낙타화된 항-BCMA 단일 도메인 항체를 코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 디자인한 후, 공지된 핵산 합성 기법을 이용하여 드 노보 합성하고, 그 후 이

로써 수득된 핵산을, 공지된 발현 기법을 이용하여 발현시켜 본 개시의 원하는 항-BCMA 단일 도메인 항체를 제공한다.

[0130] 천연 생성 VH 서열 또는 VHH 서열로부터 출발하여 본 개시의 항-BCMA 단일 도메인 항체 및/또는 이를 코딩하는 핵산을 수득하는 다른 적합한 방법 및 기법은 본 개시의 항-BCMA 단일 도메인 항체 또는 이를 코딩하는 뉴클레오타이드 서열 또는 핵산을 제공하도록, 예를 들면, 하나 이상의 천연 생성 VH 서열(예컨대, 하나 이상의 프레임워크(FR) 서열 및/또는 상보성 결정 영역(CDR) 서열)의 하나 이상의 부분, 하나 이상의 천연 생성 VHH 서열(예컨대, 하나 이상의 FR 서열 또는 CDR 서열)의 하나 이상의 부분, 및/또는 하나 이상의 합성 또는 반합성 서열을 적합한 방식으로 조합하는 단계를 포함한다.

[0131] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 도메인은 중쇄 가변 상보성 결정 영역 CDR1, 중쇄 가변 CDR2, 중쇄 가변 CDR3, 경쇄 가변 CDR1, 경쇄 가변 CDR2 및 경쇄 가변 CDR3을 포함하는 항-BCMA 특이적 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 도메인은 단일클론 항체, 다중클론 항체, 재조합 항체, 인간 항체, 인간화된 항체, 또는 항원 결합 단편, 예컨대, 단일 도메인 항체(sdAb), Fab, Fab', F(ab)2 및 Fv 단편, 하나 이상의 CDR로 구성된 단편, 단일쇄 항체(예를 들면, 단일 쇄 Fv 단편(scFv)), 디설파이드 안정화된(dsFv) Fv 단편, 이종접합체 항체(예를 들면, 이중특이적 항체), pFv 단편, 중쇄 단량체 또는 이량체, 경쇄 단량체 또는 이량체, 및 하나의 중쇄 및 하나의 경쇄로 구성된 이량체로부터의 도메인들을 포함하나 이들로 한정되지 않는, BCMA에 결합하는 임의의 도메인을 포함한다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 도메인은 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, 항-BCMA 단일 도메인 항체는 중쇄 가변 상보성 결정 영역(CDR) CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함한다.

[0132] 일부 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 결합 단백질은 식 f1-r1-f2-r2-f3-r3-f4로 표시된 바와 같이 3개의 상보성 결정 영역/서열에 의해 불연속된 4개의 프레임워크 영역/서열(f1-f4)로 구성된 아미노산 서열을 포함하는 폴리펩타이드이고, 이때 r1, r2 및 r3은 각각 상보성 결정 영역 CDR1, CDR2 및 CDR3이고, f1, f2, f3 및 f4는 프레임워크 잔기이다. 본 개시의 BCMA 결합 단백질의 r1 잔기는 예를 들면, 아미노산 잔기 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 및 34를 포함하고; 본 개시의 BCMA 결합 단백질의 r2 잔기는 예를 들면, 아미노산 잔기 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62 및 63을 포함하고; 본 개시의 BCMA 결합 단백질의 r3 잔기는 예를 들면, 아미노산 잔기 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107 및 108을 포함한다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 346 내지 460으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함한다.

[0133] 한 실시양태에서, CDR1은 서열번호 599의 아미노산 서열을 포함하지 않는다. 한 실시양태에서, CDR2는 서열번호 600의 아미노산 서열을 포함하지 않는다. 한 실시양태에서, CDR3은 서열번호 601의 아미노산 서열을 포함하지 않는다.

[0134] 일부 실시양태에서, CDR1은 서열번호 1로 기재된 아미노산 서열, 또는 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 아미노산 치환을 가진 이의 변이체를 포함한다. 예시적 CDR1은 서열번호 4로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 5로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 6으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 7로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 8로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 9로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 10으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 11로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 12로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 13으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 14로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 15로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 16으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 17로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 18로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 19로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 20으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 21로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 22로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 23으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 24로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 25로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 26으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 27로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 28로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 29로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 30으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 31로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 32로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다

른 예시적 CDR1은 서열번호 33으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 34로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 35로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 36으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 37로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 38로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 39로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 40으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 41로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 42로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 43으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 44로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 45로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 46으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 47로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 48로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 49로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 50으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 51로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 52로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 53으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 54로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 55로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 56으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 57로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 58로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 59로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 60으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 61로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 62로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 63으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 64로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 65로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 66으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 67로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 68로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 69로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 70으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 71로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 72로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 73으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 74로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 75로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 76으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 77로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 78로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 79로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 80으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 81로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 82로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 83으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 84로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 85로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 86으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 87로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 88로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 89로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 90으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 91로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 92로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 93으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 94로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 95로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 96으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 97로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 98로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 99로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 100으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 101로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 102로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 103으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 104로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 105로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 106으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 107로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 108로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열

번호 109로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 110으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 111로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 112로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 113으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 114로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 115로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 116으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR1은 서열번호 117로 기재된 아미노산 서열을 포함한다.

[0135] 일부 실시양태에서, CDR2는 서열번호 2로 기재된 서열, 또는 서열번호 2에서 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 아미노산 치환을 가진 변이체를 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 118로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 119로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 120으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 121로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 122로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 123으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 124로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 125로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 126으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 127로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 128로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 129로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 130으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 131로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 132로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 133으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 134로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 135로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 136으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 137로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 138로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 139로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 140으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 141로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 142로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 143으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 144로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 145로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 146으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 147로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 148로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 149로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 150으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 151로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 152로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 153으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 154로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 155로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 156으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 157로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 158로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 159로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 160으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 161로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 162로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 163으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 164로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 165로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 166으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 167로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 168로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 169로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 170으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 171로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 172로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 173으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 174로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 175로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 176으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 177로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 178로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 179로 기재된 아미노산 서열을

포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 180으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 181로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 182로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 183으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 184로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 185로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 186으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 187로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 188로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 189로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 190으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 191로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 192로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 193으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 194로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 195로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 196으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 197로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 198로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 199로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 200으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 201로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 202로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 203으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 204로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 205로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 206으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 207로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 208로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 209로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 210으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 211로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 212로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 213으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 214로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 215로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 216으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 217로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 218로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 219로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 220으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 221로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 222로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 223으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 224로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 225로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 226으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 227로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 228로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 229로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR2는 서열번호 230으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 231로 기재된 아미노산 서열을 포함한다.

[0136] 일부 실시양태에서, CDR3은 서열번호 3으로 기재된 서열, 또는 서열번호 3에서 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 아미노산 치환을 가진 변이체를 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 232로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 233으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 234로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 235로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 236으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 237로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 238로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 239로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 240으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 241로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 242로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 243으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 244로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 245로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 246으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 247로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 248로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 249로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시

적 CDR3은 서열번호 250으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 251로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 252로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 253으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 254로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 255로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 256으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 257로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 258로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 259로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 260으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 261로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 262로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 263으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 264로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 265로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 266으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 267로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 268로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 269로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 270으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 271로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 272로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 273으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 274로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 275로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 276으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 277로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 278로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 279로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 280으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 281로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 282로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 283으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 284로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 285로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 286으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 287로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 288로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 289로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 290으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 291로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 292로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 293으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 294로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 295로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 296으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 297로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 298로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 299로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 300으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 301로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 302로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 303으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 304로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 305로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 306으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 307로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 308로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 309로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 310으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 311로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 312로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 313으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 314로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 315로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 316으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 317로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 318로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 319로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 320으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 321로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 322로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 323으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 324로 기재된 아

미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 325로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 326으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 327로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 328로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 329로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 330으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 331로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 332로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 333으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 334로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 335로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 336으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 337로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 338로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 339로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 340으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 341로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 342로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 343으로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 344로 기재된 아미노산 서열을 포함한다. 또 다른 예시적 CDR3은 서열번호 345로 기재된 아미노산 서열을 포함한다.

[0137] 다양한 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 결합 단백질은 서열번호 4 내지 117로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 약 75%, 약 76%, 약 77%, 약 78%, 약 79%, 약 80%, 약 81%, 약 82%, 약 83%, 약 84%, 약 85%, 약 86%, 약 87%, 약 88%, 약 89%, 약 90%, 약 91%, 약 92%, 약 93%, 약 94%, 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98%, 약 99% 또는 약 100% 동일한 아미노산 서열을 가진 CDR1을 가진다.

[0138] 다양한 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 결합 단백질은 서열번호 118 내지 231로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 약 75%, 약 76%, 약 77%, 약 78%, 약 79%, 약 80%, 약 81%, 약 82%, 약 83%, 약 84%, 약 85%, 약 86%, 약 87%, 약 88%, 약 89%, 약 90%, 약 91%, 약 92%, 약 93%, 약 94%, 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98%, 약 99% 또는 약 100% 동일한 아미노산 서열을 가진 CDR2를 가진다.

[0139] 다양한 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 결합 단백질의 상보성 결정 영역은 서열번호 232 내지 345로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 약 10%, 약 20%, 약 30%, 약 40%, 약 50%, 약 60%, 약 70%, 약 80%, 약 81%, 약 82%, 약 83%, 약 84%, 약 85%, 약 86%, 약 87%, 약 88%, 약 89%, 약 90%, 약 91%, 약 92%, 약 93%, 약 94%, 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98%, 약 99% 또는 약 100% 동일한 아미노산 서열을 가진 CDR3을 가진다.

[0140] 다양한 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 결합 단백질은 서열번호 346 내지 460으로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 약 10%, 약 20%, 약 30%, 약 40%, 약 50%, 약 60%, 약 70%, 약 80%, 약 81%, 약 82%, 약 83%, 약 84%, 약 85%, 약 86%, 약 87%, 약 88%, 약 89%, 약 90%, 약 91%, 약 92%, 약 93%, 약 94%, 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98%, 약 99% 또는 약 100% 동일한 아미노산 서열을 가진다.

[0141] 다양한 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 결합 단백질은 서열번호 461 또는 서열번호 462로 기재된 아미노산 서열과 적어도 약 10%, 약 20%, 약 30%, 약 40%, 약 50%, 약 60%, 약 70%, 약 80%, 약 81%, 약 82%, 약 83%, 약 84%, 약 85%, 약 86%, 약 87%, 약 88%, 약 89%, 약 90%, 약 91%, 약 92%, 약 93%, 약 94%, 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98%, 약 99% 또는 약 100% 동일한 아미노산 서열을 가진 프레임워크 1(f1)을 가진다.

[0142] 다양한 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 결합 단백질은 서열번호 463으로 기재된 아미노산 서열과 적어도 약 10%, 약 20%, 약 30%, 약 40%, 약 50%, 약 60%, 약 70%, 약 80%, 약 81%, 약 82%, 약 83%, 약 84%, 약 85%, 약 86%, 약 87%, 약 88%, 약 89%, 약 90%, 약 91%, 약 92%, 약 93%, 약 94%, 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98%, 약 99% 또는 약 100% 동일한 아미노산 서열을 가진 프레임워크 2(f2)를 가진다.

[0143] 다양한 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 결합 단백질은 서열번호 464 또는 서열번호 465로 기재된 아미노산 서열과 적어도 약 10%, 약 20%, 약 30%, 약 40%, 약 50%, 약 60%, 약 70%, 약 80%, 약 81%, 약 82%, 약 83%, 약 84%, 약 85%, 약 86%, 약 87%, 약 88%, 약 89%, 약 90%, 약 91%, 약 92%, 약 93%, 약 94%, 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98%, 약 99% 또는 약 100% 동일한 아미노산 서열을 가진 프레임워크 3(f3)을 가진다.

[0144] 다양한 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 결합 단백질은 서열번호 466 또는 서열번호 467로 기재된 아미노산 서열과 적어도 약 10%, 약 20%, 약 30%, 약 40%, 약 50%, 약 60%, 약 70%, 약 80%, 약 81%, 약 82%, 약 83%, 약 84%, 약 85%, 약 86%, 약 87%, 약 88%, 약 89%, 약 90%, 약 91%, 약 92%, 약 93%, 약 94%, 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98%, 약 99% 또는 약 100% 동일한 아미노산 서열을 가진 프레임워크 4(f4)를 가진다.

[0145] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 346의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 347의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 348의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 349의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 350 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 351의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 352의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 353의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 354의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 355의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 356의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 357의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 358의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 359의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다.

[0146] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 360의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 361의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 362의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 363의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 364의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 365의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 366의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 367의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 368의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 369의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다.

[0147] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 370의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 371의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 372의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 373의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 374의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 375의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 376의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 377의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 378의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 379의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다.

[0148] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 380의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 381의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 382의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 383의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 384의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 385의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 386의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 387의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 388의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 389의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다.

[0149] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 390의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 391의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 392의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 393의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 394의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 395의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 396의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 397의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 398의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 399의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다.

[0150] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 400의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 401의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 402의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 403의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 404의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 405의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 406의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 407의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 408의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 409의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다.

[0151] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 410의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 411의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 412의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 413의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 414의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 415의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 416의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 417의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 418의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 419의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다.

[0152] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 420의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 421의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 422의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 423의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 424의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 425의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 426의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 427의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 428의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 429의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다.

[0153] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 430의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 431의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 432의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 433의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 434의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 435의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 436의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 437의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 438의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 439의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다.

[0154] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 440의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 441의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 442의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 443의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 444의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 445의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 446의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 447의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 448의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 449의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다.

[0155] 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 450의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 451의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 452의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 453의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 454

의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 455의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 456의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 457의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 458의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 459의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다. 일부 실시양태에서, BCMA 결합 단백질은 서열번호 460의 서열을 포함하는 단일 도메인 항체이다.

[0156] 본원에 기재된 BCMA 결합 단백질은 약 0.1 nM 내지 약 500 nM의 hKd 범위로 인간 BCMA에 결합할 수 있다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.1 nM 내지 약 450 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.1 nM 내지 약 400 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.1 nM 내지 약 350 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.1 nM 내지 약 300 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.1 nM 내지 약 250 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.1 nM 내지 약 200 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.1 nM 내지 약 150 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.1 nM 내지 약 100 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.1 nM 내지 약 90 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.2 nM 내지 약 80 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.3 nM 내지 약 70 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.4 nM 내지 약 50 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.5 nM 내지 약 30 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.6 nM 내지 약 10 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.7 nM 내지 약 8 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.8 nM 내지 약 6 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 0.9 nM 내지 약 4 nM이다. 일부 실시양태에서, hKd는 약 1 nM 내지 약 2 nM이다.

[0157] 일부 실시양태에서, 상기 BCMA 결합 도메인들 중 임의의 BCMA 결합 도메인은 정제의 용이함을 위해 태깅된 친화성 펩타이드이다. 일부 실시양태에서, 친화성 펩타이드 태그는 His 태그 또는 6X-his(His-His-His-His-His-His; 서열번호 471)로서도 지칭되는 6개의 연속 히스티딘 잔기이다.

[0158] 일부 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 결합 도메인은 가용성 BCMA에 비해 막-결합된 BCMA에 우선적으로 결합한다. 막-결합된 BCMA는 BCMA를 발현하는 세포의 세포막 표면에서의 BCMA의 존재를 의미한다. 가용성 BCMA는 BCMA를 발현하거나 발현한 세포의 세포막 표면에 더 이상 존재하지 않는 BCMA를 지칭한다. 일부 경우, 가용성 BCMA는 대상체의 혈액 및/또는 림프 순환계에 존재한다. 한 실시양태에서, BCMA 결합 도메인은 가용성 BCMA보다 적어도 5배, 10배, 15배, 20배, 25배, 30배, 40배, 50배, 100배, 500배 또는 1000배 더 큰 수준으로 막-결합된 BCMA에 결합한다. 한 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 표적화 삼중특이적 항원 결합 단백질은 가용성 BCMA보다 30배 더 큰 수준으로 막-결합된 BCMA에 우선적으로 결합한다. 항원 결합 단백질이 가용성 BCMA에 비해 막-결합된 BCMA에 우선적으로 결합하는지는 당분야에서 잘 공지된 어세이를 이용함으로써 용이하게 확인될 수 있다.

[0159] **삼중특이적 단백질**

[0160] BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 483 내지 597로 구성된 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함한다.

[0161] 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 483의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 484의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 485의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 486의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 487의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 488의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 489의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 490의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 491의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 492의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 493의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 494의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 495의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 496의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 497의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 498의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 499의 아미노산 서열을 포함한다.

[0162] 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 500의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 501의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 502의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 503의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 504의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예

에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 505의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 506의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 507의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 508의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 509의 아미노산 서열을 포함한다.

[0163] 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 510의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 511의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 512의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 513의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 514의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 515의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 516의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 517의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 518의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 519의 아미노산 서열을 포함한다.

[0164] 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 520의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 521의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 522의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 523의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 524의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 525의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 526의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 527의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 528의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 529의 아미노산 서열을 포함한다.

[0165] 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 530의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 531의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 532의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 533의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 534의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 535의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 536의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 537의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 538의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 539의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 540의 아미노산 서열을 포함한다.

[0166] 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 541의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 542의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 543의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 544의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 545의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 546의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 547의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 548의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 549의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 550의 아미노산 서열을 포함한다.

[0167] 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 551의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 552의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 553의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 554의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 555의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 556의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 557의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 558의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 559의 아미노산 서열을 포함한다.

[0168] 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 560의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 561의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 562의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 563의 아미노산

서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 564의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 565의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 566의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 567의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 568의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 569의 아미노산 서열을 포함한다.

[0169] 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 570의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 571의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 572의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 573의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 574의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 575의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 576의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 577의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 578의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 579의 아미노산 서열을 포함한다.

[0170] 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 580의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 581의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 582의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 583의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 584의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 585의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 586의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 587의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 588의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 589의 아미노산 서열을 포함한다.

[0171] 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 590의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 591의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 592의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 593의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 594의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 595의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 596의 아미노산 서열을 포함한다. 한 예에서, BCMA 결합 삼중특이적 단백질은 서열번호 597의 아미노산 서열을 포함한다.

[0172] **BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드**

[0173] 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 항-BCMA 삼중특이적 결합 단백질을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드 분자도 제공된다. 일부 실시양태에서, 상기 폴리뉴클레오타이드 분자는 DNA 구축물로서 제공된다. 다른 실시양태에서, 상기 폴리뉴클레오타이드 분자는 메신저 RNA 전사체로서 제공된다.

[0174] 상기 폴리뉴클레오타이드 분자는 공지된 방법에 의해, 예컨대, 펩타이드 링커에 의해 분리되었거나 다른 실시양태에서 펩타이드 결합에 의해 직접적으로 연결된 3개의 결합 도메인들을 코딩하는 유전자들을, 적합한 프로모터 및 임의적으로 적합한 전사 터미네이터에 작동가능하게 연결된 단일 유전 구축물로 조합하고 이를 세균 또는 다른 적절한 발현 시스템, 예를 들면, CHO 세포에서 발현시킴으로써 구축된다. BCMA 결합 도메인이 소분자인 실시양태에서, 폴리뉴클레오타이드는 CD3 결합 도메인 및 반감기 연장 도메인을 코딩하는 유전자를 함유한다. 반감기 연장 도메인이 소분자인 실시양태에서, 폴리뉴클레오타이드는 CD3 및 BCMA에 결합하는 도메인을 코딩하는 유전자를 함유한다. 사용된 벡터 시스템 및 숙주에 따라, 항시성 프로모터 및 유도성 프로모터를 포함하는 임의의 수의 적합한 전사 및 번역 요소를 사용할 수 있다. 프로모터는 각각의 숙주 세포에서 폴리뉴클레오타이드의 발현을 유도하도록 선택된다.

[0175] 일부 실시양태에서, 폴리뉴클레오타이드는 추가 실시양태를 나타내는 벡터, 바람직하게는 발현 벡터 내로 삽입된다. 이 재조합 벡터는 공지된 방법에 따라 구축될 수 있다. 특히 관심 있는 벡터는 플라스미드, 파지미드, 파지 유도체, 바이러스(예를 들면, 레트로바이러스, 아데노바이러스, 아데노 관련 바이러스 헤르페스 바이러스, 렌티바이러스 등) 및 코스미드를 포함한다.

[0176] 기재된 삼중특이적 항원 결합 단백질의 폴리펩타이드를 코딩하는 폴리뉴클레오타이드를 함유하고 발현시키기 위해 다양한 발현 벡터들/숙주 시스템들이 사용될 수 있다. 이. 콜라이에서의 발현을 위한 발현 벡터의 예는

pSKK(Le Gall *et al., J Immunol Methods*. (2004) 285(1):111-27)이고, 포유동물 세포에서의 발현을 위한 발현 벡터는 pcDNA5(Invitrogen)이다.

[0177] 따라서, 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 전술된 단백질을 코딩하는 벡터를 숙주 세포 내로 도입하고 단백질 도메인이 발현되는 조건 하에서 상기 숙주 세포를 배양함으로써 생성되고, 단리될 수 있고 임의적으로 더 정제될 수 있다.

[0178] **키메라 항원 수용체(CAR) 내로의 삽입**

[0179] 일부 예에서, 본 개시의 BCMA 표적화 삼중특이적 항원 결합 단백질은 키메라 항원 수용체(CAR) 내로 도입될 수 있다. 조작된 면역 이펙터 세포, 예를 들면, T 세포 또는 NK 세포는 본원에 기재된 항-BCMA 단일 도메인 항체를 함유하는 항-BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 포함하는 CAR을 발현하는 데 사용될 수 있다. 한 실시양태에서, 본원에 기재된 항-BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 포함하는 CAR은 힌지 영역을 통해 막횡단 도메인에 연결되고, 보조자극 도메인, 예를 들면, OX40, CD27, CD28, CD5, ICAM-1, LFA-1(CD11a/CD18), ICOS(CD278) 또는 4-1BB로부터 수득된 기능적 신호전달 도메인에도 연결된다. 일부 실시양태에서, CAR은 세포내 신호전달 도메인, 예컨대, 4-1BB 및/또는 CD3 제타를 코딩하는 서열도 포함한다.

[0180] **BCMA 삼중특이적 단백질 변형**

[0181] 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 (i) 아미노산이 유전 코드에 의해 코딩된 아미노산 잔기가 아닌 아미노산 잔기로 치환되어 있거나, (ii) 성숙 폴리펩타이드가 또 다른 화합물, 예컨대, 폴리에틸렌 글리콜과 융합되어 있거나, (iii) 추가 아미노산이 단백질, 예컨대, 리더 또는 분비 서열, 또는 단백질의 정제를 위한 서열에 융합되어 있는 유도체 또는 유사체를 포괄한다.

[0182] 전형적 변형은 아세틸화, 아실화, ADP-리보실화, 아미드화, 플라빈의 공유 부착, 헴 모이어티의 공유 부착, 뉴클레오타이드 또는 뉴클레오타이드 유도체의 공유 부착, 지질 또는 지질 유도체의 공유 부착, 포스파티딜이노시톨의 공유 부착, 가교결합, 고리화, 디설파이드 결합 형성, 탈메틸화, 공유 가교결합의 형성, 시스틴의 형성, 피로글루타메이트의 형성, 포르밀화, 감마 카르복실화, 글리코실화, GPI 앵커 형성, 하이드록실화, 요오드화, 메틸화, 미리스토일화, 산화, 단백질용해 프로세싱, 인산화, 프레닐화, 라세미체화, 셀레노일화, 황산화, 단백질에의 아미노산의 전달 RNA 매개 추가, 예컨대, 아르기닐화, 및 유비퀴틴화를 포함하나, 이들로 한정되지 않는다.

[0183] 변형은 펩타이드 골격, 아미노산 측쇄, 및 아미노 또는 카르복실 말단을 포함하는, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 임의의 부위에서 만들어진다. BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 변형에 유용한 일부 통상의 펩타이드 변형은 글리코실화, 지질 부착, 황산화, 글루탐산 잔기의 감마-카르복실화, 하이드록실화, 공유 변형에 의한 폴리펩타이드의 아미노 또는 카르복실 기, 또는 이들 둘 다의 차단, 및 ADP-리보실화를 포함한다.

[0184] **약학 조성물**

[0185] 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 항-BCMA 삼중특이적 결합 단백질, BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 폴리펩타이드를 코딩하는 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 벡터 또는 이 벡터에 의해 형질전환된 숙주 세포, 및 적어도 하나의 약학적으로 허용가능한 담체를 포함하는 약학 조성물도 제공된다. 용어 "약학적으로 허용가능한 담체"는 성분의 생물학적 활성의 효능을 방해하지 않고 투여받은 환자에서 독성을 나타내지 않는 임의의 담체를 포함하나 이들로 한정되지 않는다. 적합한 약학 담체의 예는 당분야에서 잘 공지되어 있고 인산염 완충 식염수 용액, 물, 유화액, 예컨대, 유/수 유화액, 다양한 유형의 습윤화제, 멸균 용액 등을 포함한다. 이러한 담체는 통상적인 방법에 의해 제제화될 수 있고 적합한 용량으로 대상체에게 투여될 수 있다. 바람직하게는, 조성물은 멸균 조성물이다. 이 조성물은 보조제, 예컨대, 보존제, 유화제 및 분산제도 함유할 수 있다. 미생물 작용의 방지는 다양한 항균제들 및 항진균제들의 포함에 의해 보장될 수 있다. 추가 실시양태는 동결건조된 형태로 포장되었거나 수성 매질에 포장된 상기 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질들 중 하나 이상의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 제공한다.

[0186] 약학 조성물의 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 나노입자 내에 캡슐화된다. 일부 실시양태에서, 나노입자는 풀러렌, 액정, 리포좀, 양자점, 초상자성 나노입자, 덴드리머 또는 나노막대이다. 약학 조성물의 다른 실시양태에서, BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질은 리포좀에 부착된다. 일부 경우, BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질은 리포좀의 표면에 접합된다. 일부 경우, BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질은 리포좀의 외피 내에 캡슐화된다. 일부 경우, 리포좀은 양이온성 리포좀이다.

[0187] 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 약물로서 사용될 것으로 예상된다. 투여는 상이한 방식, 예를 들면, 정맥내, 복강내, 피하, 근육내, 국소 또는 피내 투여에 의해 달성된다. 일부 실시양태에서, 투여 경로는 요법의 종류 및 약학 조성물에 함유된 화합물의 종류에 의해 좌우된다. 용법은 주치의 및 다른 임상적 요인에 의해 결정될 것이다. 어느 한 환자에 대한 용량은 환자의 크기, 신체 표면적, 연령, 성별, 투여될 구체적인 화합물, 투여 시간 및 경로, 요법의 종류, 일반적인 건강 및 현재 투여되고 있는 다른 약물을 포함하는 많은 요인들에 의해 좌우된다. "유효 용량"은 질환의 과정 및 중증도에 영향을 미쳐, 이러한 병리의 감소 또는 관해를 유발하기에 충분한 활성 성분의 양을 지칭하고, 공지된 방법을 이용함으로써 결정될 수 있다.

[0188] 일부 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 주당 1회의 빈도로 최대 10 mg/kg의 용량으로 투여된다. 일부 경우, 용량은 약 1 ng/kg 내지 약 10 mg/kg이다. 일부 실시양태에서, 용량은 약 1 ng/kg 내지 약 10 ng/kg, 약 5 ng/kg 내지 약 15 ng/kg, 약 12 ng/kg 내지 약 20 ng/kg, 약 18 ng/kg 내지 약 30 ng/kg, 약 25 ng/kg 내지 약 50 ng/kg, 약 35 ng/kg 내지 약 60 ng/kg, 약 45 ng/kg 내지 약 70 ng/kg, 약 65 ng/kg 내지 약 85 ng/kg, 약 80 ng/kg 내지 약 1 μg/kg, 약 0.5 μg/kg 내지 약 5 μg/kg, 약 2 μg/kg 내지 약 10 μg/kg, 약 7 μg/kg 내지 약 15 μg/kg, 약 12 μg/kg 내지 약 25 μg/kg, 약 20 μg/kg 내지 약 50 μg/kg, 약 35 μg/kg 내지 약 70 μg/kg, 약 45 μg/kg 내지 약 80 μg/kg, 약 65 μg/kg 내지 약 90 μg/kg, 약 85 μg/kg 내지 약 0.1 mg/kg, 약 0.095 mg/kg 내지 약 10 mg/kg이다. 일부 경우, 용량은 약 0.1 mg/kg 내지 약 0.2 mg/kg, 약 0.25 mg/kg 내지 약 0.5 mg/kg, 약 0.45 mg/kg 내지 약 1 mg/kg, 약 0.75 mg/kg 내지 약 3 mg/kg, 약 2.5 mg/kg 내지 약 4 mg/kg, 약 3.5 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 4.5 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 5.5 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 6.5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 7.5 mg/kg 내지 약 9 mg/kg, 또는 약 8.5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg이다. 일부 실시양태에서, 투여 빈도는 약 매일 미만, 이틀마다, 하루에 1회 미만, 주마다 2회, 매주, 7일 이내에 1회, 2주 이내에 1회, 2주 이내에 1회, 3주 이내에 1회, 4주 이내에 1회, 또는 월마다 1회이다. 일부 경우, 투여 빈도는 매주이다. 일부 경우, 투여 빈도는 매주이고, 용량은 최대 10 mg/kg이다. 일부 경우, 투여 지속기간은 약 1일 내지 약 4주이거나 더 길다.

[0189] **치료 방법**

[0190] 일부 실시양태에서, 본 개시의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 BCMA를 발현하는 종양 세포를 가진 대상체에게 투여될 때 생체내에서 종양 세포의 생장을 감소시킨다. 종양 세포의 생장의 감소의 측정은 당분야에서 잘 공지된 다수의 상이한 방법들에 의해 확인될 수 있다. 비한정적 예로는 종양 치수의 직접적인 측정, 절개된 종양 덩어리의 측정 및 대조군 대상체와의 비교, 향상된 분석을 위해 동위원소 또는 발광 분자(예를 들면, 루시퍼라제)를 사용할 수 있거나 사용하지 않을 수 있는 영상화 기법(예를 들면, CT 또는 MRI)을 통한 측정 등이 있다. 특정 실시양태에서, 본 개시의 삼중특이적 단백질의 투여는 대조군 항원 결합제에 비해 종양 세포의 생체내 생장을 적어도 약 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90% 또는 100% 감소시키고, 이때 종양 생장의 약 100% 감소는 종양의 완전한 반응 및 사라짐을 표시한다. 추가 실시양태에서, 본 개시의 삼중특이적 단백질의 투여는 대조군 항원 결합제에 비해 종양 세포의 생체내 생장을 약 50% 내지 100%, 약 75% 내지 100%, 또는 약 90 내지 100% 감소시킨다. 추가 실시양태에서, 본 개시의 삼중특이적 단백질의 투여는 대조군 항원 결합제에 비해 종양 세포의 생체내 생장을 약 50% 내지 60%, 약 60% 내지 70%, 약 70% 내지 80%, 약 80% 내지 90%, 또는 약 90% 내지 100% 감소시킨다.

[0191] 일부 실시양태에서, 본원은 본원에 기재된 항-BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 투여를 포함하는, 면역 시스템의 자극을 필요로 하는 개체의 면역 시스템을 자극하는 방법 및 용도도 제공한다. 일부 경우, 본원에 기재된 항-BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 투여는 표적 항원을 발현하는 세포에 대한 세포독성을 유도하고/하거나 유지한다.

[0192] 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 결합 단백질의 투여를 포함하는, 면역 시스템의 자극을 필요로 하는 개체의 면역 시스템을 자극하는 방법 및 용도도 제공한다. 일부 경우, 본원에 기재된 BCMA 결합 단백질의 투여는 표적 항원을 발현하는 세포에 대한 세포독성을 유도하고/하거나 유지한다. 일부 경우, 표적 항원을 발현하는 세포는 암 또는 종양 세포, 또는 전이성 암 또는 종양 세포인 말기 분화된 B 세포이다.

[0193] 본원은 본원에 기재된 BCMA 결합 단백질, 또는 이 BCMA 결합 단백질을 포함하는 다중특이적 결합 단백질을, BCMA와 관련된 질환, 장애 또는 질병의 치료를 필요로 하는 개체에게 투여하는 단계를 포함하는, 이러한 질환, 장애 또는 질병을 치료하는 방법 및 용도도 제공한다.

[0194] BCMA와 관련된 질환, 장애 또는 질병은 B 세포 계통의 암 또는 전이를 포함하나, 이들로 한정되지 않는다.

[0195] 본 개시의 BCMA 결합 단백질에 의해 치료될 수 있거나, 예방될 수 있거나 관리될 수 있는 암, 및 이를 사용하는 방법은 원발성 암 또는 전이성 암을 포함하나, 이들로 한정되지 않는다.

[0196] 이러한 백혈병의 예로는 급성 림프모구성 백혈병(ALL), 급성 골수성 백혈병(AML), 만성 림프구성 백혈병(CLL) 및 만성 골수성 백혈병(CML)뿐만 아니라, 다수의 덜 흔한 유형, 예를 들면, 모발 세포 백혈병(HCL), T 세포 전구림프구성 백혈병(T-PLL), 거대과립 림프구성 백혈병 및 성인 T 세포 백혈병 등이 있으나, 이들로 한정되지 않는다. 치료되는 급성 림프모구성 백혈병(ALL) 하위유형은 전구체 B 급성 림프모구성 백혈병, 전구체 T 급성 림프모구성 백혈병, 버킷 백혈병 및 급성 혼합형 백혈병을 포함하나, 이들로 한정되지 않는다. 치료되는 만성 림프구성 백혈병(CLL) 하위유형은 B 세포 전구림프구성 백혈병을 포함하나 이것으로 한정되지 않는다. 치료되는 급성 골수성 백혈병(AML) 하위유형은 급성 전구골수세포성 백혈병, 급성 골수모세포성 백혈병 및 급성 거핵모세포성 백혈병을 포함하나, 이들로 한정되지 않는다. 치료되는 만성 골수성 백혈병(CML) 하위유형은 만성 골수단핵세포성 백혈병을 포함하나, 이것으로 한정되지 않는다.

[0197] 본 방법에 의해 치료되는 림프종의 예로는 호지킨병, 비-호지킨병, 또는 임의의 하위유형의 림프종이 있으나, 이들로 한정되지 않는다.

[0198] 이러한 다발성 골수종의 예로는, 예를 들면, 무증상 다발성 골수종, 비-분비 골수종 또는 골경화성 골수증 등을 포함하는, 골 또는 다른 조직의 다발성 골수종이 있으나, 이들로 한정되지 않는다.

[0199] 이러한 장애의 검토를 위해서는 문헌(Fishman *et al.*, 1985, Medicine, 2d *Ed.*, J.B. Lippincott Co., Philadelphia and Murphy *et al.*, 1997, Informed Decisions: The Complete Book of Cancer Diagnosis, Treatment, and Recovery, Viking Penguin, Penguin Books U.S.A., Inc., United States of America)을 참조한다.

[0200] 본원에서 사용된 바와 같이, 일부 실시양태에서, "치료" 또는 "치료하는" 또는 "치료된"은 원치 않는 생리학적 질병, 장애 또는 질환을 늦추거나(경감시키거나), 유리한 또는 원하는 임상 결과를 수득하는 것을 목적으로 하는 요법 치료를 지칭한다. 본원에 기재된 목적을 위해, 유리한 또는 원하는 임상 결과는 증상의 완화; 질병, 장애 또는 질환의 정도의 감소; 질병, 장애 또는 질환의 안정화(즉, 악화되지 않는 것); 질병, 장애 또는 질환의 발병의 지연 또는 진행의 늦춤; 질병, 장애 또는 질환의 호전; 및 질병, 장애 또는 질환의 검출가능하거나 검출불가능한 (부분적 또는 전체적) 관해, 향상 또는 개선을 포함하나, 이들로 한정되지 않는다. 치료는 과도한 수준의 부작용 없이 임상적으로 유의미한 반응을 이끌어내는 것을 포함한다. 치료는 치료를 받지 않은 경우 예상된 생존에 비해 생존을 연장시키는 것도 포함한다. 다른 실시양태에서, "치료" 또는 "치료하는" 또는 "치료된"은 예를 들면, 질환에 취약한 사람(예를 들면, 유방암과 같은 질환에 대한 유전 마커를 가진 개체)에서 원치 않는 생리학적 질병, 장애 또는 질환의 발병을 지연시키거나 중증도를 감소시키는 것을 목적으로 하는 예방적 조치를 의미한다.

[0201] 본원에 기재된 방법의 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 특정 질환, 장애 또는 질병의 치료제와 함께 투여된다. 치료제는 항체, 소분자(예를 들면, 화학요법제), 호르몬(스테로이드성, 펩타이드 등), 방사선요법(γ-선, X-선, 및/또는 방사성동위원소, 마이크로파, UV 방사선 등의 유도된 전달), 유전자 요법(예를 들면, 안티센스, 레트로바이러스 요법 등) 및 다른 면역요법을 포함하는 요법들을 포함하나, 이들로 한정되지 않는다. 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 항-BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 지사제, 진토제, 진통제, 오피오이드 및/또는 비-스테로이드성 소염제와 함께 투여된다. 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 항-BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 항암제와 함께 투여된다.

[0202] 본 개시의 약학 조성물 및 제형 및 키트를 포함하는, 본 개시의 다양한 실시양태에서 사용될 수 있는 항암제의 비한정적 예로는 아시빅신(acivicin); 아클라루비신(aclarubicin); 아코다졸(acodazole) 염산염; 아크로닌(acronine); 아도젤레신(adozelesin); 알데스류킨(aldesleukin); 알트레타민(altretamine); 암보마이신(ambomycin); 아메탄트론(ametantrone) 아세트산염; 아미노글루테티마이드(aminoglutethimide); 암사크린(amsacrine); 아나스트로졸(anastrozole); 안쓰라마이신(anthramycin); 아스파라기나제(asparaginase); 아스퍼린(asperlin); 아자시티딘(azacitidine); 아제테파(azetepa); 아조토마이신(azotomycin); 바티마스타트(batimastat); 벤조데파(benzodepa); 비칼루타마이드(bicalutamide); 비산트렌(bisantrene) 염산염; 비스나파이드(bisnafide) 이메실산염; 비젤레신(bizelesin); 블레오마이신(bleomycin) 황산염; 브레퀴나르(brequinar) 나트륨; 브로피리민(bropirimine); 부설판(busulfan); 칵티노마이신(cactinomycin); 칼루스테론(calusterone); 카라세마이드(caracemide); 카르베티머(carbetimer); 카르보플라틴(carboplatin); 카르무스틴(carmustine); 카루비신(carubicin) 염산염; 카르젤레신(carzelesin); 세데핀골(cedefingol); 클로람부실(chlorambucil); 시롤

레마이신(cirolemycin); 시스플라틴(cisplatin); 클라드리빈(cladribine); 크리스나톨(crisnatol) 메실산염; 사이클로포스프아미드(cyclophosphamide); 사이타라빈(cytarabine); 다카르바진(dacarbazine); 닥티노마이신(dactinomycin); 다우노루비신(daunorubicin) 염산염; 데시타빈(decitabine); 덱소르마플라틴(dexormaplatin); 데자구아닌(dezaguanine); 데자구아닌 메실산염; 디아지쿠온(diaziquone); 도세탁셀(docetaxel); 독소루비신(doxorubicin); 독소루비신 염산염; 드롤록시펜(droloxifene); 드롤록시펜 시트르산염; 드로모스타놀론(dromostanolone) 프로피온산염; 두아조마이신(duazomycin); 에다트렉세이트(edatrexate); 에플로르니틴(eflornithine) 염산염; 엘사미트루신(elsamitrucin); 엔로플라틴(enloplatin); 엔프로메이트(enpromate); 에피프로피딘(epipropidine); 에피루비신(epirubicin) 염산염; 에르불로졸(erbulozole); 에소루비신(esorubicin) 염산염; 에스트라무스틴(estramustine); 에스트라무스틴 인산나트륨; 에타니다졸(etanidazole); 에토포사이드; 에토포사이드 인산염; 에토프린(etoprine); 파드로졸(fadrozole) 염산염; 파자라빈(fazarabine); 펜레티나이드(fenretinide); 플록수리딘(floxuridine); 플루다라빈 인산염; 플루오로우라실; 플루로시타빈(flurocitabine); 포스퀴돈(fosquidone); 포스트리에신(fostriecin) 나트륨; 젬시타빈(gemcitabine); 젬시타빈 염산염; 하이드록시우레아; 이다루비신 염산염; 이포스프아미드; 일모포신(ilmofosine); 인터류킨 II(재조합 인터류킨 II 또는 rIL2를 포함함), 인터페론 알파-2a; 인터페론 알파-2b; 인터페론 알파-n1; 인터페론 알파-n3; 인터페론 베타-1a; 인터페론 감마-1b; 이프로플라틴(iproplatin); 이리노테칸 염산염; 란레오타이드(lanreotide) 아세트산염; 레트로졸(letrozole); 류프롤라이드(leuprolide) 아세트산염; 리아로졸(liarozole) 염산염; 로메트렉솔(lometrexol) 나트륨; 로무스틴; 로속산트론(losoxantrone) 염산염; 마소프로콜(masoprocol); 메이탄신(maytansine); 메클로르에타민(mechlorethamine) 염산염; 메게스트롤(megestrol) 아세트산염; 멜렌게스트롤(melengestrol) 아세트산염; 멜팔란; 메노가릴(menogaril); 머캡토퓨린; 메토트렉세이트; 메토트렉세이트 나트륨; 메토프린(metoprine); 메투레데파(meturedepa); 미틴도마이드(mitindomide); 미토카르신(mitocarcin); 미토크로민(mitocromin); 미토길린(mitogillin); 미토말신(mitomalcin); 미토마이신; 미토스페르(mitosper); 미토탄(mitotane); 미톡산트론 염산염; 마이코페놀산; 노코다졸(nocodazole); 노갈라마이신(nogalamycin); 오르마플라틴(ormaplatin); 옥시수란(oxisuran); 파클리탁셀(paclitaxel); 페가스파르가제(pegaspargase); 펠리오마이신(peliomycin); 펜타무스틴(pentamustine); 페플로마이신(peplomycin) 황산염; 퍼포스프아미드(perfosfamide); 피포브로만(pipobroman); 피포설판(piposulfan); 피록산트론(piroxantrone) 염산염; 플리카마이신; 플로메스탄(plomestane); 포르피머(porfimer) 나트륨; 포르피로마이신(porfiromycin); 프레드니무스틴; 프로카르바진(procarbazine) 염산염; 퓨로마이신; 퓨로마이신 염산염; 피라조푸린(pyrazofurin); 리보프린(riboprine); 로글레티마이드(rogletimide); 사핀골(safingol); 사핀골 염산염; 세무스틴(semustine); 심트라젠(simtrazene); 스파르포세이트(sparfosate) 나트륨; 스파르소마이신(sparsomycin); 스피로게르마늄(spirogermanium) 염산염; 스피로무스틴; 스피로플라틴(spiroplatin); 스트렙토니그린(streptonigrin); 스트렙토조신; 설포페누르(sulofenur); 탈리소마이신(talisomycin); 테코갈란(tecogalan) 나트륨; 테가푸르(tegafur); 텔록산트론(teloxantrone) 염산염; 테모포르핀(temoporfin); 테니포사이드(teniposide); 테록시론(teroxirone); 테스토락톤(testolactone); 티아미프린(thiamiprine); 티오구아닌(thioguanine); 티오테파(thiotepa); 티아조푸린(tiazofurin); 티라파자민(tirapazamine); 토레미펜(toremifene) 시트르산염; 트레스톨론(trestolone) 아세트산염; 트리시리빈(triciribine) 인산염; 트리메트렉세이트(trimetrexate); 트리메트렉세이트 글루쿠론산염; 트립토렐린(triptorelin); 투불로졸(tubulozole) 염산염; 우라실 머스타드; 우레데파(uredepa); 바프레오타이드(vapreotide); 베르테포르핀(verteporfin); 빈블라스틴(vinblastine) 황산염; 빈크리스틴(vincristine) 황산염; 빈데신(vindesine); 빈데신 황산염; 비네피딘(vinepidine) 황산염; 빈글리시네이트(vinglycinate) 황산염; 빈류로신(vinleurosine) 황산염; 비노렐빈(vinorelbine) 주석산염; 빈졸리딘(vinzolidine) 황산염; 빈졸리딘 황산염; 보로졸(vorozole); 제니플라틴(zeniplatin); 지노스타틴(zinostatin); 조루비신(zorubicin) 염산염이 있다. 항암 약물의 다른 예로는 20-epi-1,25 디하이드록시비타민 D3; 5-에티닐우라실; 아비라테론(abiraterone); 아클라루비신(aclarubicin); 아실풀벤(acylfulvene); 아데시페놀(adecypenol); 아도젤레신(adozelesin); 알데스류킨; ALL-TK 길항제; 알트레타민; 암바무스틴(ambamustine); 아미독스(amidox); 아미포스틴(amifostine); 아미노레불린산; 암루비신(amrubicin); 암사크린; 아나그렐라이드(anagrelide); 아나스트로졸(anastrozole); 안드로그라폴라이드(andrographolide); 혈관신생 억제제; 길항제 D; 길항제 G; 안타렐릭스(antarelix); 항-배화(dorsalizing) 형태형성 단백질-1; 항안드로겐, 전립선 암종; 항에스트로겐; 항네오플라스톤(antineoplaston); 안티센스 올리고뉴클레오타이드; 아피디콜린(aphidicolin) 글리신산염; 아폽토시스 유전자 조절제; 아폽토시스 조절제; 퓨린결여산(apurinic acid); 아라-CDP-DL-PTBA; 아르기닌 데아미나제(deaminase); 아설아크린(asulacrine); 아타메스탄(atamestane); 아트리무스틴(atrimustine); 악시나스타틴(axinastatin) 1; 악시나스타틴 2; 악시나스타틴 3; 아자세트론(azasetron); 아자톡신(azatoxin); 아자티로신(azatyrosine); 박카틴(baccatin) III 유도체; 발라놀(balanol); 바티마스타트; BCR/ABL 길항제; 벤

조클로린(benzochlorin); 벤조일스타우로스포린(benzoylstaurosporine); 베타 락탐 유도체; 베타-알레틴(alethine); 베타클라마이신(betaclamycin) B; 베툴린산(betulinic acid); bFGF 억제제; 비칼루타마이드; 비산트렌; 비사지리디닐스퍼민(bisaziridinylspermine); 비스나파이드; 비스트라텐(bistratene) A; 비젤레신; 브레플레이트(breflate); 브로피리민(bropirimine); 부도티탄(budotitane); 부티오닌 설폭스이민(buthionine sulfoximine); 칼시포트리올(calcipotriol); 칼포스틴(calphostin) C; 캄포테신 유도체; 카나리폭스(canarypox) IL-2; 카페시타빈; 카르복스아미드-아미노-트리아졸; 카르복시아미도트리아졸; 카레스트(CaRest) M3; CARN 700; 연골로부터 유래된 억제제; 카르젤레신(carzelesin); 카세인(casein) 키나제(kinase) 억제제(ICOS); 카스타노스퍼민(castanospermine); 세크로핀(cecropin) B; 세트로렐릭스(cetrorelix); 클로린스(chlorin); 클로로퀴녹살린(chloroquinoxaline) 설폰아미드; 시카프로스트(cicaprost); 시스-포르피린(cis-porphyrin); 클라드리빈; 클로미펜 유사체; 클로트리마졸(clotrimazole); 콜리스마이신(collismycin) A; 콜리스마이신 B; 콤브레타스타틴(combretastatin) A4; 콤브레타스타틴 유사체; 코나제닌(conagenin); 크람베스시딘(crambescidin) 816; 크리스나톨; 크립토파이신(cryptophycin) 8; 크립토파이신 A 유도체; 쿠라신(curacin) A; 사이클로펜탄쓰라퀴논(cyclopentanthraquinones); 사이클로플라탐(cycloplatam); 사이페마이신(cypemycin); 사이타라빈 옥포스페이트(ocfosfate); 세포용해성 인자; 사이토스타틴(cytostatin); 다클릭시맙(dacliximab); 데시타빈; 데하이드로디뎀닌(dehydrodidemnin) B; 데스로렐린(deslorelin); 덱사메타손(dexamethasone); 덱시포스프아미드(dexifosfamide); 덱스라족산(dexrazoxane); 덱스베라파밀(dexverapamil); 디아지쿠온; 디뎀닌(didemnin) B; 디독스(didox); 디에틸노르스퍼민(diethylnorspermine); 디하이드로-5-아자사이티딘; 디하이드로탁솔(dihydrotaxol), 9-; 디옥사마이신; 디페닐 스피로무스틴; 도세탁셀, 도코사놀(docosanol); 돌라세트론(dolasetron); 독시플루리딘(doxifluridine); 드롤록시펜(droloxifene); 드로나비놀(dronabinol); 듀오카르마이신(duocarmycin) SA; 에브셀렌(ebselen); 에코무스틴(ecomustine); 에델포신(edelfosine); 에드레콜로맙(edrecolomab); 에플오르니틴(eflornithine); 엘레멘(elemene); 에미테푸르(emitefur); 에피루비신; 에프리스테라이드(epristeride); 에스트라무스틴 유사체; 에스트로겐 아고니스트; 에스트로겐 길항제; 에타니다졸(etanidazole); 에토포사이드 인산염; 엑세메스탄(exemestane); 파드로졸(fadrozole); 파자라빈(fazarabine); 펜레티나이드(fenretinide); 필그람스팀(filgrastim); 피나스테라이드(finasteride); 플라보피리돌(flavopiridol); 플레젤라스틴(flezelastine); 플루아스테론(fluasterone); 플루다라빈; 플루오로다우노루니신(fluorodaunorunicin) 염산염; 포르페니멕스(forfenimex); 포르메스탄(formestane); 포스트리에신(fostriecin); 포테무스틴(fotemustine); 가돌리늄 텍사피린(gadolinium texaphyrin); 질산갈륨; 갈로시타빈(galocitabine); 가니렐릭스(ganirelix); 젤라티나제(gelatinase) 억제제; 젬시타빈; 글루타티온 억제제; 헵설팜(hepsulfam); 헤레굴린(heregulin); 헥사메틸렌 비스아세트아미드; 하이퍼리신(hypericin); 이반드론산(ibandronic acid); 이다루비신; 이독시펜(idoxifene); 이드라만톤(idramantone); 일모포신; 일로마스타트(ilomastat); 이미다조아크리돈(imidazoacridone); 이미퀴모드(imiquimod); 면역자극 펩타이드; 인슐린 유사 성장 인자-I 수용체 억제제; 인터페론 아고니스트; 인터페론; 인터류킨; 이오벤구안; 요오도독소루비신(iododoxorubicin); 이포메아놀(ipomeanol), 4-; 이로플락트(iroplact); 이르소글라딘(irsogladine); 이소벤가졸(isobengazole); 이소호모할리콘드린(isohomohalicondrin) B; 이타세트론(itasetron); 자스플라키놀라이드(jasplakinolide); 카할라라이드(kahalalide) F; 라멜라린(lamellarin)-N 삼아세트산염; 란레오타이드(lanreotide); 레이나마이신(leinamycin); 레노그라스팀; 렌티난(lentinan) 황산염; 렙톨스타틴(leptolstatin); 레트로졸; 백혈병 억제 인자; 벽혈병 알파 인터페론; 류프롤라이드 + 에스트로겐 + 프로게스테론; 류프로렐린(leuprorelin); 레바미솔(levamisole); 리아로졸(liarozole); 선형 폴리아민 유사체; 친유성 이당류 펩타이드; 친유성 백금 화합물; 리소클린아미드(lissoclinamide) 7; 로바플라틴(lobaplatin); 롬브리신(lombricine); 로메트렉솔(lometrexol); 로니다민(lonidamine); 로속산트론(losoxantrone); (로바스타틴(Lovastatin), 프로바스타틴(Pravastatin), 플루바스타틴(Fluvastatin), 스타틴(Statin), 심바스타틴(Simvastatin) 및 아토르바스타틴(Atorvastatin)과 같은, 그러나 이들로 한정되지 않는) HMG-CoA 환원효소 억제제; 록소리빈(loxoribine); 루르토테칸(lurtotecan); 루테튬 텍사피린(lutetium texaphyrin); 리소필린(lysofylline); 용해성 펩타이드; 마이탄신(maitansine); 만노스타틴(mannostatin) A; 마리마스타트(marimastat); 마소프로콜(masoprocol); 마스핀(maspin); 매트릴라이신(matrilysin) 억제제; 매트리스 메탈로프로테이나제(metalloproteinase) 억제제; 메노가릴(menogaril); 메르바론(merbarone); 메테렐린(meterelin); 메티오니나제(methioninase); 메토클로프라마이드(metoclopramide); MIF 억제제; 미페프리스톤(mifepristone); 밀테포신(miltefosine); 미리모스팀(mirimostim); 불일치된 이중 가닥 RNA; 미토구아존(mitoguazone); 미토락톨(mitolactol); 미토마이신 유사체; 미토나파이드(mitonafide); 미토톡신(mitotoxin) 섬유모세포 성장 인자-사포린; 미톡산트론(mitoxantrone); 모파로텐(mofarotene); 몰그라모스팀(molgramostim); 단일클론 항체, 인간 융모막 성선자극호르몬; 일인지질 A + 마이코박테리움 세포벽 sk; 모피다몰(mopidamol); 다중 약물 내성 유전자

억제제; 다중 종양 억제제 1 기반 요법; 머스타드 항암제; 마이카페록사이드(mycaperoxide) B; 마이코박테리움 세포벽 추출물; 마이리아포론(myriaporone); N-아세틸디날린(acetyldinaline); N-치환된 벤즈아미드; 나파렐린(nafarelin); 나그레스팁(nagrestip); 날록손 + 펜타조신; 나파빈(napavin); 나프테르핀(naphterpin); 나르토그라스팀(nartograstim); 네다플라틴(nedaplatin); 네모루비신(nemorubicin); 네리드론산(neridronic acid); 중성 엔도펩티다제(endopeptidase); 닐루타마이드; 니사마이신(nisamycin); 산화질소 조절제; 니트록사이드 항산화제; 니트룰린(nitrullyn); O6-벤질구아닌; 옥트레오타이드(octreotide); 오키세논(okicenone); 올리고뉴클레오타이드; 오나프리스톤(onapristone); 온단세트론(ondansetron); 오라신(oracin); 경구 사이토카인 유도제; 오르마플라틴; 오사테론(osaterone); 옥살리플라틴(oxaliplatin); 옥사우노마이신(oxaunomycin); 파클리탁셀; 파클리탁셀 유사체; 파클리탁셀 유도체; 팔라우아민(palauamine); 팔미토일리족신(palmitoylrhizoxin); 파미드론산(pamidronic acid); 파낙시트리올(panaxytriol); 파노미펜(panomifene); 파라박틴(parabactin); 파젤립틴(pazelliptine); 페가스파르가제; 펠데신(peldesine); 펜토산 폴리황산나트륨; 펜토스타틴(pentostatin); 펜트로졸(pentrozole); 퍼플루브론(perflubron); 퍼포스프아미드(perfosfamide); 페릴릴(perillyl) 알코올; 페나지노마이신(phenazinomycin); 페닐아세테이트; 포스파타제 억제제; 피시바닐(picibanil); 필로카르핀(pilocarpine) 염산염; 피라루비신(pirarubicin); 피리트렉심(piritrexim); 플라세틴(placetin) A; 플라세틴 B; 플라스미노겐 활성화제 억제제; 백금 착물; 백금 화합물; 백금-트리아민 착물; 포르피머 나트륨; 포르피로마이신(porfiromycin); 프레드니손; 프로필 비스-아크리돈; 프로스타글란딘 J2; 프로테아좀 억제제; 단백질 A 기반 면역 조절제; 단백질 키나제 C 억제제; 단백질 키나제 C 억제제, 마이크로알갈(microalgal); 단백질 티로신 포스파타제 억제제; 퓨린 뉴클레오사이드 포스포릴라제(phosphorylase) 억제제; 푸르푸린(purpurin); 피라졸로아크리딘; 피리독실화된 헤모글로빈 폴리옥시에틸렌 접합체; raf 길항제; 랄티트렉세드(raltitrexed); 라모세트론(ramosetron); ras 파르네실 단백질 트랜스퍼라제(transferase) 억제제; ras 억제제; ras-GAP 억제제; 탈메틸화된 레텔립틴(retelliptine); 레늄(rhenium) Re 186 에티드로네이트(etidronate); 리족신(rhizoxin); 리보자임; RII 레틴아미드(retinamide); 로글레티마이드(rogletimide); 로히투킨(rohitukine); 로무르타이드(romurtide); 로퀴니멕스(roquinimex); 루비기논(rubiginone) B1; 루복실(ruboxyl); 사핀골; 사인토핀(saintopin); SarCNU; 사르코파이톨(sarcophytol) A; 사르그라모스팀(sargramostim); Sdi 1 모방 물질; 세무스틴(semustine); 노화 유래 억제제 1; 센스 올리고뉴클레오타이드; 신호 전달도입 억제제; 신호 전달도입 조절제; 단일 쇄 항원 결합 단백질; 시조피란(sizofiran); 소부족산(sobuzoxane); 나트륨 보로카프테이트(borocaptate); 나트륨 페닐아세테이트; 솔베롤(solverol); 소마토메딘(somatomedin) 결합 단백질; 소네르민(sonermin); 스파르포스산(sparfosic acid); 스피카마이신(spicamycin) D; 스피로무스틴(spiromustine); 스플레노펜틴(splenopentin); 스폰기스타틴(spongistatin) 1; 스쿠알아민(squalamine); 줄기 세포 억제제; 줄기 세포 분열 억제제; 스티피아미드(stipiamide); 스트로멜라이신(stromelysin) 억제제; 설피노신(sulfinosine); 초활성 혈관활성 장 펩타이드 길항제; 수라디스타(suradista); 수라민(suramin); 스와인소닌(swainsonine); 합성 글리코스아미노글리칸; 탈리무스틴(tallimustine); 타목시펜 메티오다이드(tamoxifen methiodide); 타우로무스틴(tauromustine); 타자로텐(tazarotene); 테코갈란 나트륨; 테가푸르; 텔루라피릴륨(tellurapyrylium); 텔로머라제(telomerase) 억제제; 테모포르핀; 테모졸로마이드; 테니포사이드; 테트라클로로데카옥사이드(tetrachlorodecaoxide); 테트라조민(tetrazomine); 탈리블라스틴(thaliblastine); 티오코랄린(thiocoraline); 트롬보포이에틴(thrombopoietin); 트롬보포이에틴 모방 물질; 티말파신(thymalfasin); 티모포이에틴(thymopoietin) 수용체 아고니스트; 티모트리난(thymotrinan); 갑상선 자극 호르몬; 주석 에틸 에티오푸르푸린(etiopurpurin); 티라파자민; 티타노센(titanocene) 이염화물; 톱센틴(topsentin); 토레미펜(toremifene); 전능 줄기 세포 인자; 번역 억제제; 트레티노인(tretinoin); 트리아세틸유리딘(triacetyluridine); 트리시리빈(triciribine); 트리메트렉세이트; 트립토렐린; 트로피세트론(tropisetron); 투로스테라이드(turosteride); 티로신 키나제 억제제; 티르포스틴(tyrphostin); UBC 억제제; 우베니멕스(ubenimex); 비뇨생식동(urogenital sinus) 유래 성장 억제 인자; 유로키나제(urokinase) 수용체 길항제; 바프레오타이드(vapreotide); 바리올린(variolin) B; 벡터 시스템, 적혈구 유전자 요법; 벨라레솔(velaresol); 베라민(veramine); 베르딘(verdin); 베르테포르핀(verteporfin); 비노렐빈; 빈살틴(vinxaltine); 비탁신(VITAXIN)®; 보로졸(vorozole); 자노테론(zanoterone); 제니플라틴(zeniplatin); 질라스코르브(zilascorb); 및 지노스타틴 스티말라머(zinostatin stimalamer)가 있으나, 이들로 한정되지 않는다. 추가 항암 약물은 5-플루오로우라실(fluorouracil) 및 류코보린(leucovorin)이다. 이 두 물질들은 탈리도마이드 및 토포이소머라제 억제제를 사용하는 방법에서 사용될 때 특히 유용하다. 일부 실시양태에서, 본 개시의 항-BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 젬시타빈과 함께 사용된다.

[0203] 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 항-BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 수술 전, 동안 또는 후에 투여된다.

[0204] 일부 실시양태에서, 항암제는 임의의 적합한 수단을 통해 삼중특이적 단백질에 접합된다.

[0205] **BCMA 발현의 검출 및 BCMA 관련 암의 진단 방법**

[0206] 본 개시의 또 다른 실시양태에 따라, 시험관내 및/또는 생체내에서 BCMA의 발현을 검출하는 키트가 제공된다. 상기 키트는 상기 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(예를 들면, 표지된 항-BCMA 단일 도메인 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 함유하는 삼중특이적 단백질), 및 표지를 검출하는 하나 이상의 화합물을 포함한다. 일부 실시양태에서, 표지는 형광 표지, 효소 표지, 방사성 표지, 핵 자기 공명 활성 표지, 발광 표지 및 발색단 표지로 구성된 군으로부터 선택된다.

[0207] 일부 경우, BCMA 발현은 생물학적 샘플에서 검출된다. 상기 샘플은 생검, 부검 및 병리학 표본으로부터의 조직을 포함하나 이들로 한정되지 않는 임의의 샘플일 수 있다. 생물학적 샘플은 조직의 박편, 예를 들면, 조직학적 목적을 위해 채취된 냉동된 박편도 포함한다. 생물학적 샘플은 체액, 예컨대, 혈액, 혈청, 혈장, 객담, 척수액 또는 소변을 추가로 포함한다. 생물학적 샘플은 전형적으로 포유동물, 예컨대, 인간 또는 비인간 영장류로부터 수득된다.

[0208] 본원에 기재된 어세이에서 사용하기 위해 수득되는 샘플은 당분야의 통상적인 수단(예를 들면, 균질화, 혈청 단리 등)을 이용함으로써 프로세싱될 수 있는 조직 및 체액을 포함한다. 따라서, 환자로부터 수득된 샘플은 본원에 기재된 어세이에서 사용하기 전에 형질전환된다. BCMA는 샘플에 존재하는 경우, 예를 들면, 항체에 결합함으로써 본원에 기재된 방법에서 형질전환된다.

[0209] 한 실시양태에서, 대상체로부터의 샘플을 본원에 개시된 항-BCMA 단일 도메인 항체와 접촉시키고 상기 단일 도메인 항체와 샘플의 결합을 검출함으로써 대상체가 암을 가진지를 확인하는 방법을 제공한다. 항체와 대조군 샘플의 결합에 비해 항체와 샘플의 결합의 증가는 대상체가 암을 가진 것으로서 확인시켜준다.

[0210] 또 다른 실시양태에서, 암을 가진 것으로 진단된 대상체로부터의 샘플을 본원에 개시된 항-BCMA 단일 도메인 항체와 접촉시키고 상기 항체와 샘플의 결합을 검출함으로써 대상체에서 암의 진단을 확인하는 방법이 제공된다. 항체와 대조군 샘플의 결합에 비해 항체와 샘플의 결합의 증가는 대상체에서 암의 진단을 확인시켜준다.

[0211] 개시된 방법의 일부 예에서, 삼중특이적 단백질의 BCMA 단일 도메인 항체는 직접 표지된다.

[0212] 일부 예에서, 상기 방법은 항-BCMA 단일 도메인 항체에 특이적으로 결합하는 제2 항체를 샘플과 접촉시키는 단계; 및 제2 항체의 결합을 검출하는 단계도 포함한다. 제2 항체와 대조군 샘플의 결합에 비해 제2 항체와 샘플의 결합의 증가는 대상체에서 암을 검출하거나 대상체에서 암의 진단을 확인시켜준다.

[0213] 일부 경우, 암은 백혈병, 림프종, 다발성 골수종, 또는 BCMA를 발현하는 임의의 다른 유형의 암이다.

[0214] 일부 예에서, 대조군 샘플은 암을 갖지 않은 대상체로부터의 샘플이다. 특정 예에서, 샘플은 혈액 또는 조직 샘플이다.

[0215] 일부 경우, BCMA에 결합하는(예를 들면, 특이적으로 결합하는) 항체는 검출가능한 표지로 직접 표지된다. 또 다른 실시양태에서, BCMA에 결합하는(예를 들면, 특이적으로 결합하는) 항체(제1 항체)는 표지되지 않고, BCMA에 특이적으로 결합하는 항체에 결합할 수 있는 제2 항체 또는 다른 분자는 표지된다. 제2 항체는 특정 종 및 클래스의 제1 항체에 특이적으로 결합할 수 있도록 선택된다. 예를 들면, 제1 항체가 라마 IgG인 경우, 제2 항체는 항-라마-IgG일 수 있다. 항체에 결합할 수 있는 다른 분자는 상업적으로 입수될 수 있는 단백질 A 및 단백질 G를 포함하나 이들로 한정되지 않는다. 항체 또는 제2 항체에 적합한 표지는 전술되어 있고, 다양한 효소들, 보결분자단들, 형광 물질들, 발광 물질들, 자기 물질들 및 방사성 물질들을 포함한다. 적합한 효소의 비한정적 예로는 호스라디쉬 퍼록시다제, 알칼리성 포스파타제, 베타-갈락토시다제 또는 아세틸콜린에스터라제가 있다. 적합한 보결분자단 복합체의 비한정적 예로는 스트렙타비딘/바이오틴 및 아비딘/바이오틴이 있다. 적합한 형광 물질의 비한정적 예로는 움벨리페론, 플루오레세인, 플루오레세인 이소티오시아네이트, 로다민, 디클로로트리아지닐아민 플루오레세인, 단실 클로라이드 또는 파이코에리쓰린이 있다. 비한정적 예시적 발광 물질은 루미놀이고, 비한정적 예시적 자기 물질은 가돌리늄이고, 비한정적 예시적 방사성 표지는 125I, 131I, 35S 또는 3H를 포함한다.

[0216] 대안적 실시양태에서, BCMA는 검출가능한 물질로 표지된 BCMA 표준물 및 BCMA에 특이적으로 결합하는 표지되지 않은 항체를 사용하는 경쟁 면역어세이에 의해 생물학적 샘플에서 어세이될 수 있다. 이 어세이에서, 생물학적 샘플, 표지된 BCMA 표준물 및 BCMA에 특이적으로 결합하는 항체를 조합하고, 표지되지 않은 항체에 결합된 표지된 BCMA 표준물의 양을 측정한다. 생물학적 샘플 중의 BCMA의 양은 BCMA에 특이적으로 결합하는 항체에 결합된

표지된 BCMA 표준물의 양에 반비례한다.

[0217] 본원에 개시된 면역어세이 및 방법은 다수의 목적으로 사용될 수 있다. 한 실시양태에서, BCMA에 특이적으로 결합하는 항체는 세포 배양물 중의 세포에서 BCMA의 생성을 검출하는 데 사용될 수 있다. 또 다른 실시양태에서, 상기 항체는 생물학적 샘플, 예컨대, 조직 샘플, 또는 혈액 또는 혈청 샘플에서 BCMA의 양을 검출하는 데 사용될 수 있다. 일부 예에서, BCMA는 세포 표면 BCMA이다. 다른 예에서, BCMA는 가용성 BCMA(예를 들면, 세포 배양 상청액 중의 BCMA, 또는 체액 샘플, 예컨대, 혈액 또는 혈청 샘플 중의 가용성 BCMA)이다.

[0218] 한 실시양태에서, 생물학적 샘플, 예컨대, 혈액 샘플 또는 조직 샘플에서 BCMA를 검출하는 키트가 제공된다. 예를 들면, 대상체에서 암 진단을 확인하기 위해, 생검을 수행하여 조직학적 검사를 위한 조직 샘플을 수득할 수 있다. 대안적으로, 가용성 BCMA 단백질 또는 단편의 존재를 검출하기 위해 혈액 샘플을 수득할 수 있다. 본 개시에 따라, 폴리펩타이드를 검출하는 키트는 전형적으로 BCMA에 특이적으로 결합하는 단일 도메인 항체를 포함할 것이다. 일부 실시양태에서, 항체 단편, 예컨대, scFv 단편, VH 도메인, 또는 Fab가 키트에 포함된다. 추가 실시양태에서, 항체는 (예를 들면, 형광, 방사성 또는 효소 표지로) 표지된다.

[0219] 한 실시양태에서, 키트는 BCMA에 결합하는 항체의 사용 수단을 개시하는 설명서를 포함한다. 설명서는 전자 형태(예컨대, 컴퓨터 디스켓 또는 컴팩트 디스크)로 작성될 수 있거나, 시각적일 수 있거나(예컨대, 비디오 파일), 전자 네트워크, 예를 들면, 인터넷, 월드 와이드 웹, 인트라넷 또는 다른 네트워크를 통해 제공될 수 있다. 키트는 키트가 디자인되는 특정 적용을 용이하게 하기 위한 추가 성분도 포함할 수 있다. 따라서, 예를 들면, 키트는 표지를 검출하는 수단(예컨대, 효소 표지를 위한 효소 기질, 형광 표지를 검출하기 위한 필터 세트, 이차 항체와 같은 적절한 이차 표지 등)을 추가로 함유할 수 있다. 키트는 특정 방법의 실시를 위해 관례적으로 사용되는 완충제 및 다른 시약을 추가로 포함할 수 있다. 이러한 키트 및 적절한 내용물은 당분야에서 숙련된 자에게 잘 공지되어 있다.

[0220] 한 실시양태에서, 진단 키트는 면역어세이를 포함한다. 비록 면역어세이의 세부사항은 사용된 구체적인 포맷에 따라 달라질 수 있을지라도, 생물학적 샘플에서 BCMA를 검출하는 방법은 일반적으로 생물학적 샘플을, 면역학적 반응 조건 하에서 BCMA 폴리펩타이드에 특이적으로 반응하는 항체와 접촉시키는 단계를 포함한다. 항체는 면역학적 반응 조건 하에서 특이적으로 결합하여 면역 복합체를 형성하도록 허용되고, 면역 복합체(결합된 항체)의 존재는 직접적으로 또는 간접적으로 검출된다.

[0221] 세포 표면 마커의 존재 또는 부재를 확인하는 방법은 당분야에서 잘 공지되어 있다. 예를 들면, 항체는 효소, 자기 비드, 콜로이드성 자기 비드, 햅텐, 플루오로크롬, 금속 화합물, 방사성 화합물 또는 약물을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다른 화합물에 접합될 수 있다. 항체는 방사면역어세이(RIA), ELISA 또는 면역조직화학적 어세이와 같은, 그러나 이들로 한정되지 않는 면역어세이에서 사용될 수도 있다. 항체는 형광 활성화된 세포 분류(FACS)를 위해 사용될 수도 있다. FACS는 무엇보다도 더 정교한 수준의 검출을 위해 복수의 색채 채널들, 낮은 각도 및 둔각 광 산란 검출 채널들, 및 임피던스 채널들을 사용하여 세포를 분리하거나 분류한다(미국 특허 제5,061,620호 참조). 본원에 개시된, BCMA에 결합하는 임의의 단일 도메인 항체는 이 어세이들에서 사용될 수 있다. 따라서, 상기 항체는 ELISA, RIA, FACS, 조직 면역조직화학, 웨스턴 블롯 또는 면역침전을 포함하나 이들로 한정되지 않는 통상적인 면역어세이에서 사용될 수 있다.

[0222] **실시예**

[0223] 본원은 본원의 예시적 실시양태로서 제공된 하기 비한정적 실시예를 참고함으로써 더 잘 이해될 수 있다. 그러나, 하기 실시예는 실시양태를 더 완전히 예시하기 위해 제공되고 어떠한 방식으로든 본원의 넓은 범위를 한정하는 것으로서 해석되어서는 안 된다.

[0224] **실시예 1**

[0225] *단백질 생성*

[0226] 앞에 리더 서열을 갖고 뒤에 6x 히스티딘 태그(서열번호 471)를 가진, 본 개시에 따른 BCMA 결합 단백질을 함유하는 BCMA 표적화 삼중특이적 분자의 서열을 포유동물 발현 벡터 pcDNA 3.4(인비트로겐(Invitrogen)) 내로 클로닝하였다. Expi293 세포(라이프 테크놀로지스(Life Technologies) A14527)를 Expi293 배지 중의 0.2 내지 8 x 1e6개 세포/㎖로 최적 생장 플라스크(톰슨(Thomson))에서 현탁액으로 유지하였다. 정제된 플라스미드 DNA를 Expi293 발현 시스템 키트(라이프 테크놀로지스, A14635) 프로토콜에 따라 Expi293 세포 내로 형질감염시켰고, 형질감염 후 4일 내지 6일 동안 유지하였다. 단백질 A 팁을 가진 옥테트 기계를 이용하고 표준 곡선을 위해 대조군 삼중특이적 단백질을 사용하여, 형질감염된 Expi293 세포로부터 컨디셔닝된 배지 중의 시험되는 예시적 삼

중특이적 단백질의 양을 정량하였다.

[0227] *T 세포 의존적 세포 세포독성 어세이*

[0228] 항-BCMA 단일 도메인 항체가 T 세포와 BCMA 발현 세포주 사이의 시냅스를 형성할 수 있고 T 세포로 하여금 BCMA 발현 세포주를 사멸시키도록 유도하는지를 평가하기 위해 컨디셔닝된 배지의 적정물을 TDCC 어세이(T 세포 의존적 세포 세포독성 어세이)에 첨가하였다. 이 어세이(Nazarian *et al.*, 2015. *J. Biomol. Screen.*, 20:519-27)에서, T 세포와 표적 암 세포주 세포를 384웰 플레이트에서 10:1 비로 함께 혼합하였고, 시험되는 다양한 양의 삼중특이적 단백질을 첨가하였다. 루시퍼라제 단백질을 발현하도록 종양 세포주를 조작하였다. 48시간 후, 남은 생존 종양 세포를 정량하기 위해, 스테디-글로(STEADY-GLO)® 발광 어세이(프로메가(Promega))를 이용하였다.

[0229] 이 실시예에서, 다발성 골수종 및 형질 세포 백혈병에 대한 시험관내 모델로서의 역할을 하는 세포주인 EJM 세포를 사용하였다. 48시간 후 EJM 세포의 생존율을 측정한다. 삼중특이적 단백질이 T 세포 사멸을 매개하였다는 것을 확인하였다. 도 2는 시험 단백질 01H08, 01F07, 02F02 및 BH253을 사용한 예시적 세포 생존율 어세이를 음성 대조군과 비교하여 보여준다. 여러 다른 시험 삼중특이적 단백질들의 TDCC 활성에 대한 EC_{50}은 하기 표 1에 나열되어 있다.

[0230] *결합 친화성*

[0231] 본 연구에서, 본 개시에 따른 BCMA 결합 단백질을 함유하는 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 인간 BCMA 단백질에 대한 결합 친화성을 측정하였다. 친화성 측정치는 표 1에 나열되어 있다.

표 1

여러 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질들의 결합 친화성 및 TDCC 활성

구축물 명칭	인간 BCMA K_D(M)	TDCC EC_{50}(M)
253BH10	2.77E-08	5.29E-11
01H08	2.86E-09	3.41E-13
01F07	4.18E-09	7.02E-13
01H06	ND	1.00E-12
02G02	5.26E-09	1.08E-12
02B05	5.39E-09	1.22E-12
01C01	6.52E-09	1.33E-12
02F02	6.73E-09	1.36E-12
02E05	6.53E-09	1.37E-12
01E08	5.56E-09	1.50E-12
02C01	5.31E-09	1.55E-12
02E06	6.31E-09	1.57E-12
02B06	6.77E-09	1.65E-12
02F04	6.75E-09	1.72E-12
01G08	6.27E-09	1.91E-12
02C06	6.90E-09	1.95E-12
01H09	5.44E-09	2.21E-12
01F04	6.55E-09	2.21E-12
01D02	7.35E-09	2.25E-12
02D11	6.71E-09	2.35E-12
01A07	6.95E-09	2.49E-12
02C03	7.09E-09	2.52E-12
02F07	7.06E-09	2.59E-12
01E04	7.29E-09	2.67E-12
02H09	6.83E-09	2.88E-12
01E03	6.36E-09	2.98E-12
02F05	7.15E-09	3.00E-12
01B05	6.52E-09	3.01E-12
01C05	6.09E-09	3.07E-12

[0232]

[0233]

구축물 명칭	인간 BCMA K_D(M)	TDCC EC_{50}(M)
02F12	7.76E-09	3.14E-12
01H11	7.06E-09	3.17E-12
02G06	7.50E-09	3.39E-12
01E06	8.91E-09	3.77E-12
01G11	9.70E-09	3.98E-12
02A05	7.06E-09	4.21E-12
01A08	1.17E-08	4.25E-12
02G05	7.12E-09	4.33E-12
01B09	1.12E-08	5.27E-12
01G01	1.46E-08	5.83E-12
01B06	9.10E-09	6.97E-12
01F10	1.44E-08	7.44E-12
01E05	1.17E-08	1.08E-11
02G01	1.63E-08	1.08E-11
01A06	1.58E-08	1.10E-11
02B04	1.52E-08	1.13E-11
01D06	1.49E-08	1.35E-11
02B07	1.58E-08	1.42E-11
02B11	1.33E-08	1.44E-11
01H04	1.74E-08	1.47E-11
01D03	2.09E-08	1.49E-11
01A05	1.70E-08	1.51E-11
02F11	2.00E-08	1.52E-11
01D04	1.89E-08	1.60E-11
01B04	1.86E-08	1.61E-11
02C05	1.56E-08	1.62E-11
02E03	1.68E-08	1.65E-11
01D05	1.78E-08	1.66E-11
01C04	2.16E-08	1.75E-11
01E07	1.99E-08	1.92E-11
01G06	1.70E-08	1.92E-11

[0234]

구축물 명칭	인간 BCMA K_D(M)	TDCC EC_{50}(M)
02F06	2.19E-08	1.93E-11
01B01	1.99E-08	1.95E-11
01D07	1.93E-08	1.96E-11
02A08	9.51E-09	2.01E-11
01A02	2.15E-08	2.18E-11
02G11	2.05E-08	2.38E-11
01G04	1.17E-08	2.41E-11
02F03	2.57E-08	2.45E-11
01C06	1.88E-08	2.51E-11
01A01	2.13E-08	2.64E-11
01B12	2.07E-08	2.73E-11
02A07	1.84E-08	2.79E-11
02G08	1.80E-08	2.86E-11
02E09	2.09E-08	3.11E-11
02H06	2.33E-08	3.19E-11
01H10	2.48E-08	3.52E-11
01F05	1.67E-08	3.72E-11
01C02	2.00E-08	3.73E-11
02A04	1.76E-08	3.82E-11
02H05	1.96E-08	3.89E-11
02G09	3.44E-08	3.96E-11
02D06	2.33E-08	4.28E-11
02G07	1.93E-08	4.46E-11
01H05	2.74E-08	4.54E-11
01C08	2.83E-08	4.57E-11
01A03	3.08E-08	4.61E-11
01A09	2.39E-08	4.84E-11
02B01	2.14E-08	5.18E-11
02H01	3.56E-08	5.42E-11
02H04	3.11E-08	5.99E-11
02A11	2.52E-08	6.06E-11

구축물 명칭	인간 BCMA K_D(M)	TDCC EC_{50}(M)
01E10	1.85E-08	6.23E-11
02D09	2.89E-08	6.73E-11
01F08	2.14E-08	7.12E-11
01F03	1.50E-08	7.64E-11
02H11	2.75E-08	7.75E-11
01C07	1.98E-08	8.33E-11
01B08	2.56E-08	8.76E-11
01B03	2.62E-08	9.64E-11
01H01	3.59E-08	1.18E-10
02B12	2.52E-08	1.24E-10
01G10	4.19E-08	1.43E-10
01A04	3.75E-08	1.59E-10
01B07	4.39E-08	1.74E-10
01C10	4.64E-08	2.08E-10
01F02	4.13E-08	2.25E-10
01B02	1.88E-08	3.59E-10
01F12	4.05E-08	3.92E-10
01G09	8.78E-08	4.41E-10
01D10	5.39E-08	4.53E-10
01F09	5.28E-08	9.45E-10

[0235] ND: 측정되지 않았음

[0236] 분자 01H08, 01F07, 01H06, 02G02, 02B05, 01C01, 02F02, 02E05, 01E08, 02C01, 02E06, 02B06, 02F04, 01G08, 02C06, 01H09, 01F04, 01D02, 02D11, 01A07, 02C03, 02F07, 01E04, 02H09, 01E03, 02F05, 01B05, 01C05, 02F12, 01H11, 02G06, 01E06, 01G11, 02A05, 01A08, 02G05, 01B09, 01G01, 01B06, 01F10, 01E05, 02G01, 01A06, 02B04, 01D06, 02B07, 02B11, 01H04, 01D03, 01A05, 02F11, 01D04, 01B04, 02C05, 02E03, 01D05, 01C04, 01E07, 01G06, 02F06, 01B01, 01D07, 02A08, 01A02, 02G11, 01G04, 02F03, 01C06, 01A01은 모 CDR을 가진 분자인 253BH10에 비해 TDCC 효능의 적어도 2배 증가를 갖고 증가된 친화성도 보인다.

[0237] 분자 01H08, 01F07, 01H06, 02G02, 02B05, 01C01, 02F02, 02E05, 01E08, 02C01, 02E06, 02B06, 02F04, 01G08, 02C06, 01H09, 01F04, 01D02, 02D11, 01A07, 02C03, 02F07, 01E04, 02H09, 01E03, 02F05, 01B05, 01C05, 02F12, 01H11, 02G06, 01E06, 01G11, 02A05, 01A08, 02G05, 01B09는 모 CDR을 가진 분자인 253BH10에 비해 TDCC 효능의 적어도 10배 증가를 갖고 증가된 친화성도 보인다.

[0238] 음성 대조군으로서 이 어세이에 포함된 항-GFP 삼중특이적 분자는 TDCC 어세이에서 검출가능한 BCMA 결합을 갖지 않고 세포 생존율에 영향을 미치지 않는다(데이터는 제시되어 있지 않음).

[0239] **실시예 2**

[0240] **Jeko1, MOLP8 및 OPM2 세포에 대한 본 개시에 따른 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 결합 및 세포독성 활성을 평가하는 방법**

[0241] *단백질 생성*

[0242] 지질 기제의 시약 및 비선형화된 플라스미드 DNA가 세포 형질감염을 위해 사용되었다는 점을 제외하고 이전에 기재된 벡터 및 방법(Running Deer and Allison, 2004. *Biotechnol Prog.* 20:880-9)을 이용하여, 앞에 리더 서열을 갖고 뒤에 6x 히스티딘 태그(서열번호 471)를 가진, 본 개시에 따른 BCMA 결합 단백질을 함유하는 BCMA 표

적화 삼중특이적 분자의 서열을 발현시켰다. 친화성 크로마토그래피, 이온 교환 및/또는 크기 배제 크로마토그래피를 이용하여 재조합 삼중특이적 단백질을 정제하였다. 이론적 흡광 계수 및 흡수 분광법을 이용하여 정제된 단백질을 정량하였다. 쿠마시(Coomassie)에 의해 염색된 SDS-PAGE의 영상은 단백질의 순도를 입증한다(도 3).

[0243] *세포독성 어세이*

[0244] 인간 T 세포 의존적 세포 세포독성(TDCC) 어세이를 이용하여, 삼중특이적 분자를 포함하는 T 세포 개입자가 T 세포로 하여금 종양 세포를 사멸시키도록 유도하는 능력을 측정하였다(Nazarian *et al.*, 2015. *J. Biomol. Screen.*, 20:519-27). 이 어세이에서, T 세포와 표적 암 세포주 세포를 384웰 플레이트에서 10:1 비로 함께 혼합하고, 시험되는 다양한 양의 삼중특이적 단백질을 첨가한다. 루시퍼라제 단백질을 발현하도록 종양 세포주를 조작한다. 48시간 후, 남은 생존 종양 세포를 정량하기 위해, 스테디-글로® 발광 어세이(프로메가)를 이용하였다.

[0245] 본 연구에서, 항-BCMA 단일 도메인 항체가 T 세포와 BCMA 발현 Jeko1, MOLP8 및 OPM2 암 세포주 사이의 시냅스를 형성할 수 있는지를 평가하기 위해 정제된 단백질의 적정물을 TDCC 어세이(T 세포 의존적 세포 세포독성 어세이)에 첨가하였다. Jeko1은 B 세포 림프종 세포주이다. MOLP-8은 골수종 세포주이다. OPM-2는 인간 골수종 세포주이다.

[0246] 48시간 후 세포의 생존율을 측정하였다. 삼중특이적 단백질은 T 세포 사멸을 매개하였다는 것을 확인하였다. 도 4는 시험 단백질을 사용한 예시적 세포 생존율 어세이를 음성 대조군과 비교하여 보여준다. 여러 다른 시험 삼중특이적 단백질들에 대한 TDCC 활성의 EC_{50}은 하기 표 2에 나열되어 있다. 음성 대조군으로서 이 어세이에 포함된 항-GFP 삼중특이적 분자는 세포 생존율에 영향을 미치지 않았다(데이터는 제시되어 있지 않음).

표 2

TriTAC 포맷(항-표적(BCMA):항-알부민:항-CD3 결합 도메인)의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 선택하기 위한 3 종 세포주들의 TDCC EC_{50} 값

구축물 명칭	Jeko1 EC_{50}(M)	MOLP-8 EC_{50}(M)	OPM-2 EC_{50}(M)
BH2T TriTAC	3.2E-10	2.0E-10	1.6E-10
01F07 TriTAC	5.3E-12	1.5E-12	4.4E-12
01F07-M34Y TriTAC	5.6E-12	1.5E-12	3.6E-12
01F07-M34G TriTAC	9.0E-12	2.2E-12	5.6E-12
01G08 TriTAC	1.5E-11	2.5E-12	6.9E-12
01H08 TriTAC	4.0E-12	9.4E-13	3.1E-12
02B05 TriTAC	8.3E-12	2.5E-12	6.5E-12
02B06 TriTAC	1.1E-11	2.8E-12	9.7E-12
02E05 TriTAC	1.1E-11	3.3E-12	1.2E-11
02E06 TriTAC	9.1E-12	2.4E-12	7.4E-12
02F02 TriTAC	8.2E-12	3.5E-12	1.0E-11
02F04 TriTAC	1.0E-11	2.5E-12	7.3E-12
02G02 TriTAC	1.1E-11	2.8E-12	6.6E-12
02G02-M34Y TriTAC	1.1E-11	5.6E-12	6.2E-12
02G02-M34G TriTAC	1.2E-11	4.0E-12	7.1E-12

[0247]

[0248] *결합 친화성*

[0249] 본 연구에서, 본 개시에 따른 BCMA 결합 단백질을 함유하는 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 인간 BCMA 단백질에 대한 결합 친화성을 측정하였다.

표 3

본 개시에 따른 BCMA 결합 단백질을 함유하는 정제된 표적화 삼중특이적 단백질의 결합 친화성

[0250]

구축물 명칭	인간 BCMA K_D(M)
01F07-M34Y TriTAC	3.0E-09
01F07-M34G TriTAC	6.0E-09
02B05 TriTAC	6.0E-09
02G02-M34Y TriTAC	5.0E-09
02G02-M34G TriTAC	7.0E-09

[0251] 도 3, 도 4, 표 2 및 표 3의 데이터는 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질이 발현될 수 있고 90% 초과의 순도까지 정제될 수 있다는 것을 시사한다. 정제된 단백질은 모 BCMA 표적화 서열을 가진 삼중특이적 단백질에 비해 약 13배 내지 213배 더 강력한 TDCC 활성을 나타낸다. 정제된 삼중특이적 단백질은 약 3 내지 7 nM의 친화성으로 BCMA에 결합한다.

[0252] **실시예 3**

[0253] **이종이식편 종양 모델**

[0254] 본원에 기재된 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 이종이식편 모델에서 평가하였다.

[0255] 0일째 날, NCG 마우스를 RPMI-8226 세포로 피하 접종하였고 정상 인간 말초 혈액 단핵 세포(PBMC)도 복강내로 이식하였다. 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05)(서열번호 520)을 사용한 치료도 0일째 날에 시작하였다(qdx10)(10일 동안 매일 1회). 투여의 용량은 5 μg/kg, 50 μg/kg 또는 500 μg/kg의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질 02B05, 또는 대조군으로서의 비히클이었다. 종양 부피를 25일 동안 측정하였다. 도 30에 나타낸 바와 같이, 평균 종양 부피는 비히클 또는 저용량의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05)(5 μg/kg)로 치료받은 마우스에 비해 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05)(50 μg/kg 또는 500 μg/kg)로 치료받은 마우스에서 유의미하게 더 낮았다.

[0256] 0일째 날, NCG 마우스를 Jeko 1 세포로 피하접종하였고 정상 인간 말초 혈액 단핵 세포(PBMC)도 복강내로 이식하였다. 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05)(서열번호 520)을 사용한 치료도 3일째 날에 시작하였다(qdx10)(10일 동안 매일 1회). 투여의 용량은 5 μg/kg, 50 μg/kg 또는 500 μg/kg의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질 02B05, 또는 대조군으로서의 비히클이었다. 종양 부피를 25일 동안 측정하였다. 도 31에 나타낸 바와 같이, 평균 종양 부피는 비히클 또는 저용량의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05)(5 μg/kg 또는 50 μg/kg)로 치료받은 마우스에 비해 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05)(500 μg/kg)로 치료받은 마우스에서 유의미하게 더 낮았다.

[0257] **실시예 4**

[0258] **본 개시의 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질을 다발성 골수종 환자에게 투여하기 위한 개념 증명 임상 시험 프로토콜**

[0259] 이것은 다발성 골수종의 치료로서 실시예 1의 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질을 연구하기 위한 I/II 상 임상 시험이다.

[0260] 연구 결과:

[0261] 일차: 이전 실시예의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 최대 내약 용량.

[0262] 이차: 이전 실시예의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 시험관내 반응이 임상 반응과 관련되어 있는지를 확인하는 것.

[0263] I 상

[0264] 최대 내약 용량(MTD)은 시험의 I 상 부분에서 확인될 것이다.

[0265] 1.1 최대 내약 용량(MTD)은 시험의 I 상 부분에서 확인될 것이다.

[0266] 1.2 자격 기준을 충족시키는 환자는 이전 실시예의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질에 대한 시험에 들어갈 것이다.

[0267] 1.3 목적은 참가자들에서 심각한 또는 관리불가능한 부작용 없이 안전하게 투여될 수 있는 이전 실시예의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 가장 높은 용량을 확인하는 것이다. 제공된 용량은 사전에 연구에 등록된 참가자의 수 및 용량을 얼마나 잘 견뎌내었는지에 의해 좌우될 것이다. 모든 참가자들이 동일한 용량을 제공받지는 않을 것이다.

[0268] II 상

[0269] 2.1 후속 II 상 부분은 이전 실시예의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 요법을 사용한 치료가 적어도 20% 반응률을 야기하는지를 확인하는 것을 목적으로 MTD로 치료받을 것이다.

[0270] II 상에 대한 일차 결과 -- 이전 실시예의 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 요법이 적어도 20%의 환자들에서 임상 반응(폭발적 반응, 미미한 반응, 부분적 반응 또는 완전한 반응)을 달성하는지를 확인하는 것.

[0271] 자격

[0272] 연구에 포함되기 위한 자격 기준은 다음과 같다:

[0273] 다발성 골수종을 갖고 심각한 또는 위급한 합병증(예를 들면, 절박한 병리학적 골절, 고칼슘혈증, 신장 기능부족)을 갖지 않은, 이전에 치료받지 않은 환자. 낮은 또는 중간 종양 질량을 가진 모든 무증상 환자들은 자격이 있을 것이다.

[0274] 높은 종양 질량, 유증상 또는 절박한 골절, 고칼슘혈증(보정된 칼슘 >11.5 mg%), 빈혈(Hgb <8.5 gm/dl), 신부전(크레아티닌 >2.0 mg/dl), 높은 혈청 락테이트 데하이드로게나제(>300 U/ℓ) 또는 형질 세포 백혈병(>1000/㎕)을 가진 환자는 자격이 없다.

[0275] 명시적인 감염 또는 설명되지 않는 발열은 치료 전에 해결되어야 한다. 적절한 간 기능(SGPT, 빌리루빈 및 LDH를 포함함)은 요구된다.

[0276] 환자들은 1 이하의 주브로드(Zubrod) 수행능력을 가져야 한다.

[0277] 환자들은 그들이 이 연구의 조사 성질을 인식한다는 것을 표시하는 작성된 사전동의서를 제공해야 한다.

[0278] 기대 수명은 1년을 초과해야 한다.

[0279] 특발성 단일클론 감마글로불린병증 및 비-분비 다발성 골수종을 가진 환자는 자격이 없다. 국소 방사선요법, 알파-IFN 또는 ATRA를 유일한 선행 요법으로서 사용한 환자는 자격이 있다. 선행 고용량 글루코코르티코이드 또는 알킬화제에 노출된 환자는 자격이 없다.

[0280] 실시예 5

[0281] 본 개시의 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 사용한, 인간 및 사이노몰구스 BCMA, CD3ε 및 알부민에 대한 친화성 측정

[0282] 이 연구의 목적은 인간 BCMA, 사이노몰구스 BCMA, 인간 CD3ε, 사이노몰구스 CD3ε, 인간 알부민, 사이노몰구스 알부민 및 마우스 알부민에 대한 본 개시의 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05)(서열번호 520)의 친화성을 평가하는 것이었다. 옥테트 기계를 이용하여 친화성을 측정하였다. 이 측정을 위해, 먼저 2.5 nM 인간 BCMA-Fc, 2.5 nM 사이노몰구스 BCMA-Fc, 2.5 nM 인간 CD3ε-Fc, 2.5 nM 사이노몰구스 CD3ε-Fc, 50 nM 인간 혈청 알부민(HSA), 50 nM 사이노몰구스 혈청 알부민 또는 50 nM 마우스 혈청 알부민을 스트렙타비딘 팁에 적재하였다. 그 후, 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질 02B05를 상기 팁과 함께 항온처리하였고, 결합 시간 후, 상기 팁을 완충제 용액으로 옮겨, 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05)이 해리될 수 있게 하였다. 인간 및 사이노몰구스 BCMA 및 CD3ε에의 결합에 대한 친화성을 15 mg/mℓ 인간 혈청 알부민의 존재 하에서 측정하였다. 이 연구로부터 계산된 평균 K_D 값은 표 4에 제공되어 있다(n은 독립적 측정의 수를 표시하고, n/d는 시험

된 조건 하에서 검출된 결합이 없음을 표시한다). 인간 BCMA, 인간 CD3ε, 사이노몰구스 CD3ε, 인간 혈청 알부민, 사이노몰구스 혈청 알부민 및 마우스 혈청 알부민에의 결합이 검출되었다. 시험된 조건 하에서, 사이노몰구스 BCMA에의 결합은 검출되지 않았다.

표 4

단백질 리간드에 대한 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질 02B05 에 대한 측정된 K_D 값

단백질 리간드	종	K_D(nM)	n
BCMA	인간	2.4 ± 0.2	2
	시아노몰구스	n/d	2
CD3ε	인간	8 ± 1	2
	시아노몰구스	7.8 ± 0.4	2
알부민	인간	6 ± 1	3
	시아노몰구스	7.5	1
	마우스	76	1

[0283]

[0284] **실시예 6**

[0285] **본 개시의 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 인간 T 세포 결합 능력**

[0286] 정제된 T 세포에 결합하는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질 02B05(서열번호 520)의 능력을 시험하였다. 요약하건대, BCMA 삼중특이적 단백질 또는 인산염 완충 식염수(PBS)를 4명의 상이한 익명 인간 기증자들로부터의 정제된 T 세포와 함께 항온처리하였다. 결합되지 않은 단백질을 세척한 후, T 세포를, 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질에서 항-알부민 도메인을 인식하는 알렉사 플루오르 647 접합 항체와 함께 항온처리하였다. 그 다음, T 세포를 유세포분석으로 분석하였다. 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질과 함께 항온처리된 인간 T 세포는 PBS와 함께 항온처리된 세포에 비해 알렉사 플루오르 647 염색과 관련된 주목할 만한 변위를 가진다는 것이 관찰되었다. 결과는 도 5a, 5b, 5c 및 5d에 제시되어 있다. 결론적으로, 이 연구는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질이 인간 T 세포에 결합할 수 있다는 것을 시사하였다.

[0287] **실시예 7**

[0288] **BCMA 발현 세포에 결합하는 본 개시의 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 능력**

[0289] BCMA 발현 세포에 결합하는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질 02B05(서열번호 520)의 능력을 시험하였다. 요약하건대, 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질을 BCMA 발현 세포주(NCI-H929; EJM; RPMI-8226; OPM2) 또는 BCMA 결여 세포주(NCI-H510A; DMS-153)와 함께 항온처리하였다. 이 세포들에서의 BCMA RNA의 발현은 도 6a 내지 6f에 나열된 FPKM(킬로염기 백만 당 단편) 값으로 표시되고; RNA FPKM 값은 암 세포주 백과사전(Cancer Cell Line Encyclopedia)(브로드 인스티튜트(Broad Institute), 미국 매사추세츠주 캠브리지 소재)으로부터 확인된다. 결합되지 않은 단백질을 세척한 후, 세포를, 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질에서 항-알부민 도메인을 인식하는 알렉사 플루오르 647 접합 항체와 함께 항온처리하였다. 그 다음, 세포를 유세포분석으로 분석하였다. 음성 대조군으로서, 세포를 삼중특이적 단백질 표적화 GFP와 함께 항온처리하였다. BCMA RNA를 발현하고 BCMA 삼중특이적 단백질과 함께 항온처리된 세포는 GFP 삼중특이적 단백질과 함께 항온처리된 세포에 비해 알렉사 플루오르 647 염색과 관련된 주목할 만한 변위를 가졌다(도 6a, 6b, 6d 및 6e에서 확인됨). 반면, BCMA RNA를 결여하는 세포는 BCMA 삼중특이적 단백질 및 GFP 삼중특이적 단백질의 사용 시 동등한 알렉사 플루오르 647 염색을 생성하였다(도 6c 및 6f에서 확인됨). 따라서, 이 연구는 예시적 BCMA 삼중특이적 항원 결합이 BCMA

를 발현하는 세포에 선택적으로 결합할 수 있다는 것을 시사하였다.

[0290] **실시예 8**

[0291] **BCMA를 발현하는 암 세포의 T 세포 사멸을 매개하는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 능력**

[0292] 실시예 1에 기재된 표준 TDCC 어세이를 이용하여 T 세포가 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 및 부재 하에서 BCMA 발현 세포를 사멸시키도록 유도하는 예시적 BCMA 삼중특이적 단백질 02B05(서열번호 520)의 능력을 시험하였다. 예시적 BCMA 삼중특이적 단백질이 항-알부민 도메인을 함유하기 때문에, 이 실험은 알부민에의 결합이, BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질이 T 세포로 하여금 BCMA 발현 세포를 사멸시키도록 유도하는 것을 방해하지 않는다는 것을 확인하기 위해 수행되었다. 5종의 BCMA 발현 세포주들을 시험하였다: EJM, Jeko, OPM2, MOLP8 및 NCI-H929. EJM 세포를 사용한 실험에 대한 대표적인 데이터는 도 7에 제시되어 있다. EJM 세포의 생존율은 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 또는 부재 하에서 예시적 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 양이 증가함에 따라 감소한 반면, 대조군 GFP 표적화 삼중특이적 단백질은 세포 생존율에 영향을 미치지 않았다는 것이 관찰되었다. 알부민의 존재 하에서, EJM 세포의 생존율을 감소시키기 위해 더 높은 농도의 BCMA 삼중특이적 단백질이 필요하였다. HSA의 부재 또는 존재 하에서 EJM 세포뿐만 아니라 Jeko, OPM2, MOL8 및 NCI-H929 세포에 대해서도 BCMA 삼중특이적 단백질에 의한 세포 사멸에 대한 EC_{50} 값이 표 5에 제공되어 있다. 모든 5종의 세포주들의 사용 시, 예시적 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질은 T 세포가 HSA의 존재 하에서 표적 세포를 사멸시키도록 유도하였다.

표 5

5 종의 상이한 BCMA 발현 세포주들의 사용 시 인간 혈청 알부민의 존재 또는 부재 하에서 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질에 대한 TDCC EC_{50} 값

[0293]

세포주	HSA 의 부재 하에서 EC_{50}(pM)	HSA 의 존재 하에서 EC_{50}(pM)
EJM	1.0	53
Jeko	8.3	662
OPM2	6.5	328
MOLP8	2.5	388
NCI-H929	6.7	194

[0294] **실시예 9**

[0295] **더 작은 표적 세포 대 이펙터 세포 비를 사용할 때, BCMA를 발현하는 암 세포의 T 세포 사멸을 매개하는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 능력**

[0296] (실시예 1에 기재된) 표준 TDCC 어세이에서, 10개의 이펙터 세포(T 세포)당 1개의 표적 세포(EJM 세포 또는 OPM2 세포)의 비를 48시간 어세이에서 사용한다. 이 실험에서, 더 작은 표적 세포 대 이펙터 비로 T 세포가 표적 세포를 사멸시키도록 유도하는 예시적 BCMA 삼중특이적 단백질 02B05(서열번호 520)의 능력을 시험하였다. 예상은 더 적은 이펙터 세포가 사용되었을 때 더 적은 사멸이 관찰될 것이라는 것이었다. 1:1, 1:3 및 1:10의 표적 대 이펙터 세포 비를 사용하여 2종의 BCMA 발현 세포주 EJM 및 OPM2를 시험하였고, 실험을 15 mg/mℓ HSA의 존재 하에서 수행하였다. GFP 표적화 삼중특이적 단백질을 음성 대조군으로서 사용하였다. 이 실험으로부터의 데이터는 도 8(EJM 세포를 사용한 TDCC 어세이) 및 도 9(OPM2 세포를 사용한 TDCC 어세이)에 제시되어 있다. 예상된 바와 같이, 1:10 표적 대 이펙터 세포 비를 사용하였을 때 표적 세포의 거의 완전한 사멸이 관찰되었다. 사멸의 양은 이펙터 세포의 감소에 따라 감소되었다. 각각의 비를 사용하였을 때 세포 사멸에 대한 EC_{50} 값은 표 6에 나열되어 있다(n/d는 EC_{50} 값을 계산하기에 불충분한 사멸이 관찰되었다는 것을 표시한다). 더 적은 이펙터 세포가 존재하였을 때 EC_{50} 값은 증가하였다. 따라서, 예상된 바와 같이, 이펙터 세포 대 표적 세포의 수의 감소는 BCMA 삼중특이적 단백질의 TDCC 활성을 감소시켰다.

표 6

(15 mg/㎖ HSA 의 존재 하에서 시험된) 다양한 표적 세포(EJM 세포) 대 이펙터 세포(T 세포) 비의 사용 시 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05)의 TDCC EC_{50} 값

표적 세포: T 세포 비	EJM EC_{50}(pM)	OPM2 EC_{50}(pM)
1:10	154	371
1:3	523	1896
1:1	1147	n/d

[0297]

[0298] 실시예 10

[0299] 더 작은 표적 세포 대 이펙터 세포 비를 사용할 때, 시간 경과 연구에서 BCMA를 발현하는 암 세포의 T 세포 사멸을 매개하는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 능력

[0300] 표준 TDCC 어세이(실시예 1)에서, 10개의 이펙터 세포(T 세포)당 1개의 표적 세포의 비를 48시간 어세이에서 사용한다. 이 실험에서, 표적 세포(EJM 세포) 대 이펙터 세포(T 세포)의 1 대 1 비를 사용하여 시간 경과를 수행하였다. 예상은 시간의 증가에 따라 1 대 1 비가 표적 세포 사멸을 야기할 것이라는 것이었다. 15 mg/㎖ HSA의 존재 하에서 실험을 수행하였다. GFP 표적화 삼중특이적 단백질을 음성 대조군으로서 사용하였다. 예시적 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질 및 15 mg/㎖ HSA, 또는 GFP 표적화 삼중특이적 단백질 및 15 mg/㎖ HSA의 존재 하에서 1:1 비로 표적 세포와 이펙터 세포의 항온처리 후 1일째 날, 2일째 날, 3일째 날 및 4일째 날에 표적 세포 생존율을 측정하였다. 표적 세포 사멸은 1일째 날에 관찰되지 않았지만, 시간과 함께 사멸의 양이 증가하면서, BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 존재 하에서 모든 다른 시점들에서 사멸이 관찰되었다(도 10). GFP 표적화 삼중특이적 단백질을 사용한 경우 사멸은 관찰되지 않았다. 각각의 날에 세포 사멸에 대해 계산된 EC_{50} 값은 표 7에 제공되어 있다(n/d는 EC_{50} 값을 측정하기에 불충분한 사멸을 표시한다). 이 연구로부터 예시적 02B05 BCMA 삼중특이적 단백질이 더 적은 수의 이펙터 세포를 사용한 T 세포 사멸을 유도할 수 있으나 더 완전한 사멸을 달성하기 위해 더 많은 시간이 필요하다는 결론을 내렸다.

표 7

다양한 시점에서 (15 mg/㎖ HSA 의 존재 하에서 시험된) 1 대 1 표적 세포(EJM 세포) 대 이펙터 세포(T 세포) 비의 사용 시 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05)의 TDCC EC_{50} 값

	EC_{50}(pM)
1 일째 날	n/d
2 일째 날	1859
3 일째 날	1420
4 일째 날	1012

[0301]

[0302] 실시예 11

[0303] 인간 T 세포가 BCMA 발현 세포를 사멸시키도록 유도하는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 능력

[0304] 실시예 1에 기재된 표준 TDCC 어세이를 이용하여, 4명의 상이한 익명 인간 기증자들로부터의 T 세포로 하여금 15 mg/㎖ 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 하에서 4종의 상이한 BCMA 발현 세포들을 사멸시키도록 유도하는 예시

적 BCMA 삼중특이적 단백질 02B05(서열번호 520)의 능력을 시험하였다. BCMA 발현 세포주는 EJM, NCI-H929, OPM2 및 RPMI8226이었다. 음성 대조군으로서, BCMA 발현을 결여하는 2종의 세포주 OVCAR8 및 NCI-H510A도 TDCC 어세이에서 시험하였다. 대조군 GFP 표적화 삼중특이적 단백질도 음성 대조군으로서 사용하였다. 4종의 BCMA 발현 세포주들 및 모든 4명의 T 세포 기증자들을 사용하였을 때, 세포 생존율은 BCMA 삼중특이적 단백질의 양이 증가함에 따라 감소하였으나, GFP 삼중특이적 단백질을 사용한 경우에는 감소하지 않았다(도 11, 12, 13 및 14). 세포 사멸에 대한 EC_{50} 값은 표 8에 제공되어 있다. 예시적 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질은 BCMA 발현을 결여하는 세포주의 사멸을 유도하지 않았다(도 15 및 16). 따라서, 예시적 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질이 다수의 기증자들로부터의 T 세포로 하여금 광범위한 BCMA 발현 세포주들을 사멸시키도록 유도할 수 있을 것으로 추측되었다.

표 8

15 mg/㎖ HSA 의 존재 하에서 4 종의 BCMA 발현 세포주들 및 4 명의 T 세포 기증자들을 사용한 TDCC 어세이로부터의 예시적 02B05 BCMA 삼중특이적 단백질 EC_{50} 값

	EC_{50}(pM)			
	H929	OPM2	RPMI8226	EJM
기증자 02	169	250	275	151
기증자 35	113	199	371	121
기증자 81	124	265	211	143
기증자 86	239	416	543	191

[0305]

[0306] **실시예 12**

[0307] **사이노몰구스 T 세포가 BCMA 발현 세포를 사멸시키도록 유도하는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 능력**

[0308] 사이노몰구스 원숭이로부터의 T 세포가 15 mg/㎖ 인간 혈청 알부민(HSA)의 존재 하에서 BCMA 발현 세포를 사멸시키도록 유도하는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질 02B05(서열번호 520)의 능력을 시험하였다. 사이노몰구스 원숭이로부터의 말초 혈액 단핵 세포(PBMC)가 T 세포의 공급원으로 사용되었다는 점을 제외하고 실험 조건은 실시예 1에 기재된 실험 조건과 동일하였다. 2종의 BCMA 발현 세포주 RPMI8226 및 NCI-H929를 시험하였다. 도 17 및 18에 나타낸 바와 같이, BCMA 삼중특이적 단백질은 사이노몰구스 PBMC에 존재하는 T 세포가 2종의 BCMA 발현 세포주들을 사멸시키도록 유도할 수 있었다. 세포 사멸에 대한 EC_{50} 값은 표 9에 나열되어 있다. GFP 삼중특이적 단백질은 BCMA 발현 세포의 생존율에 영향을 미치지 않았다. 따라서, (실시예 5에 나타낸 바와 같이) 사이노몰구스 CD3ε에 결합할 수 있는 BCMA 발현 삼중특이적 단백질은 사이노몰구스 T 세포가 인간 BCMA를 발현하는 세포를 사멸시키도록 유도할 수 있다.

표 9

15 mg/㎖ HSA의 존재 하에서 2종의 세포주들 및 2마리의 시아노몰구스 PMBC 기증자들을 사용한 TDCC 어세이로부터의 BCMA 삼중특이적 단백질 EC_{50} 값

	EC_{50}(pM)	
	RPMI8226	NCI-H929
기증자 G322	3654	1258
기증자 GA33	1003	288

[0309]

[0310] **실시예 13**

[0311] **T 세포 활성화의 예시적 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질 및 표적 종양 세포 매개 유도**

[0312] BCMA 발현 세포의 존재 하에서 T 세포를 활성화시키는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질 02B05(서열번호 520)의 능력을 시험하였다. BCMA 발현 세포주는 EJM, OPM2 및 RPMI822이었다. 음성 대조군으로서, BCMA 발현을 결여하는 2종의 세포주 OVCAR8 및 NCI-H510A도 포함시켰다. 4명의 상이한 익명 인간 기증자들로부터 T 세포를 수득하였다. 어세이를 96웰 포맷에 맞추었고 어세이를 15 ㎎/㎖ HSA의 존재 하에서 수행하였다는 점을 제외하고 실시예 1에 기재된 표준 TDCC 어세이의 조건을 이용하여 어세이를 준비하였다. 48시간 어세이 후, T 세포의 표면에서 T 세포 활성화 바이오마커 CD25 및 CD69의 발현을 측정하기 위해 유세포분석을 이용하여 T 세포 활성화를 평가하였다. BCMA 발현 세포와 공-배양하였을 때, 예시적 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질의 농도가 증가함에 따라 CD69 및 CD25의 증가된 발현이 T 세포에서 관찰되었다(도 19 내지 24에 나타냄). 따라서, 대조군 GFP 삼중특이적 단백질을 사용한 경우(도 19 내지 24에 나타냄) 또는 BCMA 발현을 갖지 않는 표적 세포를 사용한 경우(도 25 내지 28에 나타냄) 활성화가 거의 내지 전혀 관찰되지 않았기 때문에, 관찰된 증가된 발현은 예시적 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질 내의 BCMA 결합 서열과 BCMA의 상호작용에 의존하였다. 그러므로, 예시적 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질은 BCMA 발현 세포를 함유하는 공-배양물에서 T 세포를 활성화시켰다. 이 결론은 추가 데이터에 의해 뒷받침된다. 예를 들면, 사이토카인인 TNFα의 발현을, 증가하는 농도의 예시적 02B05 BCMA 삼중특이적 항원 결합 단백질 또는 음성 대조군 GFP 삼중특이적 단백질로 처리된, T 세포와 BCMA 발현 표적 세포의 공-배양물로부터 채취된 배지에서 측정하였다. 15 ㎎/㎖ HSA로 보충된 (실시예 1에 기재된) 표준 TDCC 어세이의 조건을 이용하여 공-배양을 준비하였다. 전기화학발광 어세이(메소 스케일 디스커버리(Meso Scale Discovery))를 이용하여 TNFα를 측정하였다. 02B05 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 사용한 경우 TNFα 발현의 강력한 유도가 관찰되었으나 GFP 삼중특이적 단백질을 사용한 경우에는 관찰되지 않았다(도 29). 이 결과는 02B05 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질이 BCMA 발현 세포를 함유하는 공-배양물에서 T 세포를 활성화시켰다는 것을 더 뒷받침한다.

[0313] **실시예 14**

[0314] **본 개시의 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 약동학**

[0315] 0.01 ㎎/㎏, 0.1 ㎎/㎏ 또는 1 ㎎/㎏으로 단일 정맥내 용량의 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질(02B05)(서열번호 520)을 사이노몰구스 원숭이에게 투여하였다. 용량 군당 2마리의 동물들을 포함시켰다. 투여 후, 혈청 샘플을 채취하고 2종의 상이한 전기화학발광 어세이로 분석하였다. 한 어세이는 포획 시약으로서 바이오티닐화된 CD3ε을 사용하였고 설포 태깅된 BCMA를 검출하였다(기능적 어세이로서 명명됨). 또 다른 어세이는 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질 내의 항-알부민 도메인을 인식하는 바이오티닐화된 항체를 포획 시약으로서 사용하였고 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질 내의 항-CD3 결합 도메인을 인식하는 설포 태깅된 항체(즉, 항-이디오타입 항체)를 검출 시약으로서 사용하였다. 전기화학발광 어세이로부터의 결과는 도 32에 작도되어 있다. 도 32에서 알 수 있는 바와 같이, 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질은 투여 후 504시간이 경과한 후조차도 사이노몰구스 혈청 샘플에서 검출되었다. 설포 태깅된 BCMA(도 32에서 용어 "기능적"을 이용함으로써 표지된 선) 및 항-이디오타입 항체(도 32에서 용어 "항-이디오타입"을 사용함으로써 표지된 선) 둘 다를 사용함으

로써 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 확인하였다.

[0316] 생체내 투여 후 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질이 T 세포로 하여금 BCMA 발현 EJM 세포를 사멸시키도록 유도하는 능력을 보유하는지를 확인하기 위해, 전기화학발광 어세이를 이용함으로써 측정된 단백질 농도를 사용하여 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질을 적정하면서, 168시간 시점으로부터의 혈청 샘플을 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질에 노출되지 않은 사이노몰구스 원숭이로부터의 16.7% 혈청의 존재 하에서 (실시예 1에 기재된) TDCC 어세이에서 시험하였다(도 33에 나타냄). 새로 희석된 예시적 02B05 BCMA 삼중특이적 단백질을 168시간에서 시험 사이노몰구스 원숭이로부터 채취된 BCMA 삼중특이적 단백질과 비교하였다. GFP 삼중특이적 단백질을 음성 대조군으로서 포함시켰다. 이 연구는 시험 사이노몰구스 원숭이의 혈청으로부터 채취된 예시적 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질이 새로 희석된 단백질과 동일한 활성을 가졌고 혈청 샘플 중의 단백질이 T 세포로 하여금 BCMA 발현 표적 세포를 사멸시키도록 유도하는 능력을 보유하였다는 것을 입증하였다.

[0317] 본 발명의 바람직한 실시양태들이 본원에 제시되고 기재되어 있지만, 이러한 실시양태들이 단지 예로써 제공된다는 것은 당분야에서 숙련된 자에게 자명할 것이다. 본 발명을 벗어나지 않으면서 다수의 변경, 변화 및 치환이 당분야에서 숙련된 자에게 인식될 것이다. 본원에 기재된 본 발명의 실시양태들의 다양한 대안들이 본 발명을 실시하는 데 이용될 수 있다는 것을 이해해야 한다. 하기 청구범위는 본 발명의 범위를 정의하고 이 청구범위 및 이의 균등물의 범위 내에 있는 방법 및 구조는 이 범위에 의해 커버되기 위한 것이다.

서열 표

서열번호	설명	서열
1.	예시적 CDR1	$X_1X_2X_3X_4X_5X_6X_7PX_8G$, 이때 X_1은 T 또는 S 이고; X_2는 N, D 또는 S 이고; X_3은 I, D, Q, H, V 또는 E 이고; X_4는 F, S, E, A, T, M, V, I, D, Q, P, R 또는 G 이고; X_5는 S, M, R 또는 N 이고; X_6은 I, K, S, T, R, E, D, N, V, H, L, A, Q 또는 G 이고; X_7은 S, T, Y, R 또는 N 이고; X_8은 M, G 또는 Y 이다.
2.	예시적 CDR2	$AIX_9GX_{10}X_{11}TX_{12}YADSVK$, 이때 X_9는 H, N 또는 S 이고; X_{10}은 F, G, K, R, P, D, Q, H, E, N, T, S, A, I, L 또는 V 이고; X_{11}은 S, Q, E, T, K 또는 D 이고; X_{12}는 L, V, I, F, Y 또는 W 이다.
3.	예시적 CDR3	$VPWGX_{13}YHPX_{14}X_{15}VX_{16}$, 이때 X_{13}은 D, I, T, K, R, A, E, S 또는 Y 이고; X_{14}는 R, G, L, K, T, Q, S 또는 N 이고; X_{15}는 N, K, E, V, R, M 또는 D 이고; X_{16}은 Y, A, V, K, H, L, M, T, R, Q, C, S 또는 N 이다.
서열번호	명칭	HCDR1
4.	01A01	TDIFSISPMG
5.	01A02	TNIFSSSPMG
6.	01A03	TNIFSISPGG
7.	01A04	TNIFMISPMG
8.	01A05	TNIFSSSPMG
9.	01A06	TNIFSIRPMG
10.	01A07	TNISSISPMG
11.	01A08	TNIFSSSPMG
12.	01A09	TNIFSITPMG
13.	01B01	TNIPSISPMG
14.	01B02	TNITSISPMG
15.	01B03	TNIFSKSPMG
16.	01B04	TNDFSISPMG
17.	01B05	TNITSISPMG
18.	01B06	TNIFSISPMG
19.	01B07	TNIFSRSPMG
20.	01B08	TNIESISPMG
21.	01B09	SNIFSISPMG
22.	01B12	TNIFSTSPMG
23.	01C01	TNIVSISPMG
24.	01C02	TNIESISPMG

[0318]

[0319]

25.	01C04	TNIPSISPMG
26.	01C05	TNIFSSSPMG
27.	01C06	TNIFSISPMG
28.	01C07	TNIFSIYPMG
29.	01C08	TNIFSNSPMG
30.	01C10	TNISSISPMG
31.	01D02	TNIVSISPMG
32.	01D03	TNIFSNSPMG
33.	01D04	TNITSISPMG
34.	01D05	TNIFSDSPMG
35.	01D06	TNIFSRSPMG
36.	01D07	TNIFSASPMG
37.	01D10	TNIFSASPMG
38.	01E03	TNITSISPMG
39.	01E04	TNIASISPMG
40.	01E05	TNIFSRSPMG
41.	01E06	TNIFSLSPMG
42.	01E07	TNIPSISPMG
43.	01E08	TNIFSQSPMG
44.	01E10	TNIESISPMG
45.	01F02	TNIFSHSPMG
46.	01F03	TNIFSESPMG
47.	01F04	TNIDSISPMG
48.	01F05	TNIFSSSPMG
49.	01F07	TNIFSTSPMG
50.	01F08	TNITSVSPMG
51.	01F09	TNISSISPMG
52.	01F10	SNIFSISPMG
53.	01F12	TNIFRISPMG
54.	01G01	TNIVSISPMG
55.	01G04	TNIDSISPMG
56.	01G06	TNIFSRSPMG
57.	01G08	TNIQSISPMG
58.	01G09	TNIFNISPMG

[0320]

59.	01G10	TNEFSISPMG
60.	01G11	TNIPSISPMG
61.	01H01	TNIGSISPMG
62.	01H04	TNIFSKSPMG
63.	01H05	TNIFSITPMG
64.	01H06	TSDFSISPMG
65.	01H08	TNIMSISPMG
66.	01H09	TNIMSISPMG
67.	01H10	TNIPSISPMG
68.	01H11	TNIFSTSPMG
69.	02A04	TNIFSQSPMG
70.	02A05	TNIASISPMG
71.	02A07	TNIFSKSPMG
72.	02A08	TNIFSRSPMG
73.	02A11	TNHFSISPMG
74.	02B01	TNIFSNSPMG
75.	02B04	TNIFSTSPMG
76.	02B05	TNIFSISPYG
77.	02B06	TNIFSNSPMG
78.	02B07	TNIFSSSPMG
79.	02B11	TNIVSISPMG
80.	02B12	TNISSISPMG
81.	02C01	TNIISISPMG
82.	02C03	TNIASISPMG
83.	02C05	TNIFSESPMG
84.	02C06	TNIFSTSPMG
85.	02D06	TNISSISPMG
86.	02D09	TNVVSISPMG
87.	02D11	TNEFSISPMG
88.	02E03	TNIFSNSPMG
89.	02E05	TNIFSRSPMG
90.	02E06	TNIFSDSPMG
91.	02E09	TNDFSISPMG
92.	02F02	TNIFSKSPMG

[0321]

93.	02F03	TNIFSIYPMG
94.	02F04	TNIFSSSPMG
95.	02F05	TNIFSVSPMG
96.	02F06	TNIFSITPMG
97.	02F07	TNIESISPMG
98.	02F11	TNIFSTSPMG
99.	02F12	TNIESISPMG
100.	02G01	TNIFSINPMG
101.	02G02	TNIFSITPMG
102.	02G05	TNITSISPMG
103.	02G06	TNIFSGSPMG
104.	02G07	TNIFSITPMG
105.	02G08	TNIDSISPMG
106.	02G09	TNIFSDSPMG
107.	02G11	TNIDSISPMG
108.	02H01	TNIFSKSPMG
109.	02H04	TNIFSVSPMG
110.	02H05	TNQFSISPMG
111.	02H06	TNIRSISPMG
112.	02H09	TNIFSRSPMG
113.	02H11	TNITSISPMG
114.	01F07-M34Y	TNIFSTSPYG
115.	01F01-M34G	TNIFSTSPGG
116.	02G02-M34Y	TNIFSITPYG
117.	02G02-M34G	TNIFSITPGG
	명칭	CDR2
118.	01A01	AIHGGSTLYADSVK
119.	01A02	AINGFSTLYADSVK
120.	01A03	AIHGSSTLYADSVK
121.	01A04	AIHGDSTLYADSVK
122.	01A05	AIHGFSTLYADSVK
123.	01A06	AIHGFSTVYADSVK
124.	01A07	AIHGTSTLYADSVK
125.	01A08	AIHGESTLYADSVK

[0322]

126.	01A09	AIHGRSTLYADSVK
127.	01B01	AIHGESTLYADSVK
128.	01B02	AISGFSTLYADSVK
129.	01B03	AIHGKSTLYADSVK
130.	01B04	AIHGKSTLYADSVK
131.	01B05	AIHGFETLYADSVK
132.	01B06	AIHGDSTLYADSVK
133.	01B07	AIHGNSTLYADSVK
134.	01B08	AIHGSSTLYADSVK
135.	01B09	AIHGSSTLYADSVK
136.	01B12	AIHGFQTLYADSVK
137.	01C01	AIHGHSTLYADSVK
138.	01C02	AIHGNSTLYADSVK
139.	01C04	AIHGDSTLYADSVK
140.	01C05	AIHGFKTLYADSVK
141.	01C06	AIHGDSTLYADSVK
142.	01C07	AIHGFSTYYADSVK
143.	01C08	AIHGGSTLYADSVK
144.	01C10	AIHGFSTLYADSVK
145.	01D02	AIHGKSTLYADSVK
146.	01D03	AIHGDSTLYADSVK
147.	01D04	AIHGVSTLYADSVK
148.	01D05	AIHGTSTLYADSVK
149.	01D06	AIHGDSTLYADSVK
150.	01D07	AIHGSSTLYADSVK
151.	01D10	AIHGSSTLYADSVK
152.	01E03	AIHGDSTLYADSVK
153.	01E04	AIHGTSTLYADSVK
154.	01E05	AIHGTSTLYADSVK
155.	01E06	AIHGDSTLYADSVK
156.	01E07	AIHGQSTLYADSVK
157.	01E08	AIHGDSTLYADSVK
158.	01E10	AIHGKSTLYADSVK
159.	01F02	AIHGTSTLYADSVK

[0323]

160.	01F03	AIHGNSTLYADSVK
161.	01F04	AIHGFQTLYADSVK
162.	01F05	AIHGFSTWYADSVK
163.	01F07	AIHGFSTIYADSVK
164.	01F08	AIHGPSTLYADSVK
165.	01F09	AIHGHSTLYADSVK
166.	01F10	AIHGESTLYADSVK
167.	01F12	AIHGDSTLYADSVK
168.	01G01	AIHGDSTLYADSVK
169.	01G04	AIHGNSTLYADSVK
170.	01G06	AIHGFETLYADSVK
171.	01G08	AIHGFETLYADSVK
172.	01G09	AIHGFSTYYADSVK
173.	01G10	AIHGLSTLYADSVK
174.	01G11	AIHGASTLYADSVK
175.	01H01	AIHGQSTLYADSVK
176.	01H04	AIHGQSTLYADSVK
177.	01H05	AIHGTSTLYADSVK
178.	01H06	AIHGFETLYADSVK
179.	01H08	AIHGFSTVYADSVK
180.	01H09	AIHGNSTLYADSVK
181.	01H10	AIHGESTLYADSVK
182.	01H11	AIHGFSTLYADSVK
183.	02A04	AIHGKSTLYADSVK
184.	02A05	AIHGKSTLYADSVK
185.	02A07	AIHGNSTLYADSVK
186.	02A08	AIHGESTLYADSVK
187.	02A11	AIHGSSTLYADSVK
188.	02B01	AIHGRSTLYADSVK
189.	02B04	AIHGFSTIYADSVK
190.	02B05	AIHGTSTLYADSVK
191.	02B06	AIHGFSTLYADSVK
192.	02B07	AIHGHSTLYADSVK
193.	02B11	AIHGDSTLYADSVK

[0324]

194.	02B12	AIHGFDTLYADSVK
195.	02C01	AIHGASTLYADSVK
196.	02C03	AIHGSSTLYADSVK
197.	02C05	AIHGFTTLYADSVK
198.	02C06	AIHGTSTLYADSVK
199.	02D06	AIHGFSTVYADSVK
200.	02D09	AIHGKSTLYADSVK
201.	02D11	AIHGESTLYADSVK
202.	02E03	AIHGPSTLYADSVK
203.	02E05	AIHGISTLYADSVK
204.	02E06	AIHGFSTFYADSVK
205.	02E09	AIHGGSTLYADSVK
206.	02F02	AIHGSSTLYADSVK
207.	02F03	AIHGSSTLYADSVK
208.	02F04	AIHGFSTLYADSVK
209.	02F05	AIHGNSTLYADSVK
210.	02F06	AIHGESTLYADSVK
211.	02F07	AIHGFSTLYADSVK
212.	02F11	AIHGTSTLYADSVK
213.	02F12	AIHGTSTLYADSVK
214.	02G01	AIHGFDTLYADSVK
215.	02G02	AIHGASTLYADSVK
216.	02G05	AIHGNSTLYADSVK
217.	02G06	AIHGNSTLYADSVK
218.	02G07	AIHGESTLYADSVK
219.	02G08	AIHGESTLYADSVK
220.	02G09	AIHGFSTLYADSVK
221.	02G11	AIHGSSTLYADSVK
222.	02H01	AIHGSSTLYADSVK
223.	02H04	AIHGNSTLYADSVK
224.	02H05	AIHGKSTLYADSVK
225.	02H06	AIHGSSTLYADSVK
226.	02H09	AIHGSSTLYADSVK
227.	02H11	AIHGESTLYADSVK

[0325]

228.	01F07-M34Y	AIHGFSTIYADSVK
229.	01F01-M34G	AIHGFSTIYADSVK
230.	02G02-M34Y	AIHGASTLYADSVK
231.	02G02-M34G	AIHGASTLYADSVK
	명칭	CDR3
232.	01A01	VPWGDYHPRNVA
233.	01A02	VPWGDYHPRNVH
234.	01A03	VPWGDYHPRNVY
235.	01A04	VPWGRYHPRNVY
236.	01A05	VPWGDYHPRNVY
237.	01A06	VPWGDYHPRNVY
238.	01A07	VPWGDYHPGNVY
239.	01A08	VPWGDYHPRKVY
240.	01A09	VPWGSYHPRNVY
241.	01B01	VPWGDYHPRNVA
242.	01B02	VPWGDYHPRNVY
243.	01B03	VPWGDYHPRNVV
244.	01B04	VPWGDYHPRNVK
245.	01B05	VPWGDYHPGNVY
246.	01B06	VPWGEYHPRNVY
247.	01B07	VPWGIYHPRNVY
248.	01B08	VPWGRYHPRNVY
249.	01B09	VPWGDYHPGNVY
250.	01B12	VPWGDYHPRNVV
251.	01C01	VPWGDYHPGNVY
252.	01C02	VPWGRYHPRNVY
253.	01C04	VPWGDYHPRNVY
254.	01C05	VPWGDYHPGNVY
255.	01C06	VPWGKYHPRNVY
256.	01C07	VPWGSYHPRNVY
257.	01C08	VPWGDYHPRNVH
258.	01C10	VPWGYYHPRNVY
259.	01D02	VPWGDYHPGNVY
260.	01D03	VPWGDYHPRNVR

[0326]

261.	01D04	VPWGDYHPRNVQ
262.	01D05	VPWGDYHPRNVY
263.	01D06	VPWGDYHPRNVT
264.	01D07	VPWGDYHPRNVN
265.	01D10	VPWGRYHPRNVY
266.	01E03	VPWGDYHPGNVY
267.	01E04	VPWGDYHPGNVY
268.	01E05	VPWGKYHPRNVY
269.	01E06	VPWGDYHPRNVY
270.	01E07	VPWGDYHPRNVQ
271.	01E08	VPWGDYHPGNVC
272.	01E10	VPWGDYHPRRVY
273.	01F02	VPWGRYHPRNVY
274.	01F03	VPWGTYHPRNVY
275.	01F04	VPWGDYHPGNVY
276.	01F05	VPWGRYHPRNVY
277.	01F07	VPWGDYHPGNVY
278.	01F08	VPWGDYHPTNVY
279.	01F09	VPWGRYHPRNVY
280.	01F10	VPWGDYHPRNVT
281.	01F12	VPWGRYHPRNVY
282.	01G01	VPWGDYHPRRVY
283.	01G04	VPWGDYHPRMVY
284.	01G06	VPWGDYHPRNVL
285.	01G08	VPWGDYHPGNVY
286.	01G09	VPWGRYHPRNVY
287.	01G10	VPWGAYHPRNVY
288.	01G11	VPWGDYHPRNVA
289.	01H01	VPWGDYHPQNVY
290.	01H04	VPWGDYHPRNVT
291.	01H05	VPWGRYHPRNVY
292.	01H06	VPWGDYHPGNVY
293.	01H08	VPWGDYHPGNVY
294.	01H09	VPWGDYHPGNVY

[0327]

295.	01H10	VPWGDYHPRNVY
296.	01H11	VPWGDYHPGNVY
297.	02A04	VPWGDYHPSNVY
298.	02A05	VPWGDYHPGNVY
299.	02A07	VPWGDYHPREVY
300.	02A08	VPWGRYHPGNVY
301.	02A11	VPWGDYHPRVVY
302.	02B01	VPWGDYHPRNVM
303.	02B04	VPWGDYHPLNVY
304.	02B05	VPWGDYHPGNVY
305.	02B06	VPWGDYHPGNVY
306.	02B07	VPWGDYHPRNVT
307.	02B11	VPWGDYHPRNVS
308.	02B12	VPWGDYHPRNVY
309.	02C01	VPWGDYHPGNVY
310.	02C03	VPWGDYHPGNVY
311.	02C05	VPWGDYHPRNVT
312.	02C06	VPWGDYHPGNVY
313.	02D06	VPWGRYHPRNVY
314.	02D09	VPWGDYHPNNVY
315.	02D11	VPWGDYHPGNVY
316.	02E03	VPWGDYHPRNVT
317.	02E05	VPWGDYHPGNVY
318.	02E06	VPWGDYHPGNVY
319.	02E09	VPWGDYHPRNVA
320.	02F02	VPWGDYHPGNVY
321.	02F03	VPWGDYHPKNVY
322.	02F04	VPWGDYHPGNVY
323.	02F05	VPWGKYHPRNVY
324.	02F06	VPWGRYHPRNVY
325.	02F07	VPWGDYHPGNVY
326.	02F11	VPWGDYHPRNVQ
327.	02F12	VPWGDYHPGNVY
328.	02G01	VPWGDYHPRNVS

329.	02G02	VPWGDYHPGNVY
330.	02G05	VPWGDYHPGNVY
331.	02G06	VPWGDYHPGNVY
332.	02G07	VPWGDYHPRDVY
333.	02G08	VPWGDYHPRNVT
334.	02G09	VPWGDYHPRNVA
335.	02G11	VPWGDYHPRNVT
336.	02H01	VPWGDYHPRNVY
337.	02H04	VPWGDYHPRNVY
338.	02H05	VPWGDYHPRNVV
339.	02H06	VPWGDYHPRNVV
340.	02H09	VPWGDYHPGNVY
341.	02H11	VPWGDYHPRNVY
342.	01F07-M34Y	VPWGDYHPGNVY
343.	01F01-M34G	VPWGDYHPGNVY
344.	02G02-M34Y	VPWGDYHPGNVY
345.	02G02-M34G	VPWGDYHPGNVY

[0328]

서열번호	구축물 명칭	VHH 서열
346.	BH2T	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS
347.	01A01	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTDIFSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGGSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPRNVAWGQGTQVTVSS
348.	02E09	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNDFSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGGSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVAWGQGTQVTVSS
349.	01B03	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSKSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVVWGQGTQVTVSS
350.	01B04	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNDFSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVKWGQGTQVTVSS
351.	02H05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNQFSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVVWGQGTQVTVSS
352.	01A02	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGWYRQAPG KQRELVAAINGFSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVHWGQGTQVTVSS

[0329]

353.	01A05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS
354.	01B12	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFQTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVVWGQGTQVTVSS
355.	01G06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFETLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVLWGQGTQVTVSS
356.	02C05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSESPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFTTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVTWGQGTQVTVSS
357.	02G09	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSDSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVAWGQGTQVTVSS
358.	01C08	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSNSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGGSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVHWGQGTQVTVSS
359.	02B01	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSNSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGRSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVMWGQGTQVTVSS
360.	02E03	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSNSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGPSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVTWGQGTQVTVSS
361.	01D03	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSNSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVRWGQGTQVTVSS
362.	01D06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVTWGQGTQVTVSS
363.	01H04	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSKSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGQSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVTWGQGTQVTVSS
364.	02B07	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGHSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVTWGQGTQVTVSS
365.	01A08	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRKVYWGQGTQVTVSS
366.	01B07	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGIYHPRNVYWGQGTQVTVSS
367.	01F03	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSESPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGTYHPRNVYWGQGTQVTVSS
368.	02F05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSVSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGKYHPRNVYWGQGTQVTVSS
369.	02H04	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSVSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS

[0330]

370.	02A07	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSKSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPREVYWGQGTQVTVSS
371.	01D05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSDSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS
372.	01E05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGKYHPRNVYWGQGTQVTVSS
373.	01F02	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSHSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGRYHPRNVYWGQGTQVTVSS
374.	02C06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
375.	02F11	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVQWGQGTQVTVSS
376.	01E06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSLSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS
377.	01A03	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSISPGGWYRQAPGK QRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS
378.	02A11	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNHFSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRVVYWGQGTQVTVSS
379.	01D07	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSASPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVNWGQGTQVTVSS
380.	01D10	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSASPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGRYHPRNVYWGQGTQVTVSS
381.	01A07	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNISSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
382.	02F12	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIESISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
383.	02B05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSISPYGWYRQAPGK QRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
384.	01E04	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIASISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
385.	02A05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIASISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
386.	02C03	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIASISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS

[0331]

387.	01E03	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
388.	01H09	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIMSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
389.	02G05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
390.	01C01	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIVSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGHSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
391.	01D02	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIVSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
392.	02D09	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNVVSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPNNVYWGQGTQVTVSS
393.	02C01	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIISISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGASTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
394.	02G02	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGASTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
395.	01B05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFETLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
396.	01G08	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIQSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFETLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
397.	01H06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTSDFSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFETLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
398.	01F04	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIDSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFQTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
399.	01H08	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIMSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTVYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
400.	02F07	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIESISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
401.	01C05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFKTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTARYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
402.	02F04	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
403.	02B06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSNSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS

[0332]

404.	01F07	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTIYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
405.	02B04	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTIYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPLNVYWGQGTQVTVSS
406.	01H11	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCVASTNIFSTSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
407.	02E06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSDSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTFYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
408.	01E08	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSQSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVCWGQGTQVTVSS
409.	02A04	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSQSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPSNVYWGKGTQVTVSS
410.	02A08	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGRYHPGNVYWGQGTQVTVSS
411.	02E05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGISTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
412.	02H09	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
413.	02G06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSGSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
414.	01B09	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASSNIFSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
415.	02F03	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSIYPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPKNVYWGQGTQVTVSS
416.	02F02	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSKSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
417.	02H01	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSKSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS
418.	01G10	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNEFSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGLSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGAYHPRNVYWGQGTQVTVSS
419.	02D11	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNEFSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS

[0333]

420.	01B01	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIPSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPRNVAWGQGTQVTVSS
421.	01G11	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIPSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGASTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPRNVAWGQGTQVTVSS
422.	01H10	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIPSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS
423.	01C04	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIPSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS
424.	01D04	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGVSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVQWGQGTQVTVSS
425.	01E07	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIPSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGQSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPRNVQWGQGTQVTVSS
426.	02B11	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIVSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVSWGQGTQVTVSS
427.	01F10	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASSNIFSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPRNVTWGQGTQVTVSS
428.	02G08	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIDSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVTWGQGTQVTVSS
429.	02G11	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIDSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVTWGQGTQVTVSS
430.	02H06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIRSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVVWGQGTQVTVSS
431.	01B02	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSISPMGWYRQAPG KQRELVAAISGFSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNEVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS
432.	02H11	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS
433.	01F08	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSVSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGPSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPTNVYWGQGTQVTVSS
434.	01H01	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIGSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGQSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPQNVYWGQGTQVTVSS
435.	01E10	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIESISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRRVYWGQGTQVTVSS
436.	01G01	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIVSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL

		RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRRVYWGQGTQVTVSS
437.	01G04	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIDSISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRMVYWGQGTQVTVSS
438.	01A04	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFMISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGRYHPRNVYWGQGTQVTVSS
439.	01F12	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFRISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGRYHPRNVYWGQGTQVTVSS
440.	01B06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGEYHPRNVYWGQGTQVTVSS
441.	01C06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGKYHPRNVYWGQGTQVTVSS
442.	01B08	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIESISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGRYHPRNVYWGQGTQVTVSS
443.	01C02	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIESISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGRYHPRNVYWGQGTQVTVSS
444.	01C10	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNISSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGYYHPRNVYWGQGTQVTVSS
445.	01F09	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNISSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGHSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGRYHPRNVYWGQGTQVTVSS
446.	02D06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNISSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGFSTVYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGRYHPRNVYWGQGTQVTVSS
447.	01A06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSIRPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTVYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS
448.	01C07	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSIYPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTYYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGSYHPRNVYWGQGTQVTVSS
449.	01G09	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFNISPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTYYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGRYHPRNVYWGQGTQVTVSS
450.	01F05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTWYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGRYHPRNVYWGQGTQVTVSS
451.	02B12	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNISSISPMGWYRQAPGK QRELVAAIHGFDTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPRNVYWGQGTQVTVSS
452.	02G01	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSINPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGFDTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGDYHPRNVSWGQGTQVTVSS
453.	01A09	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGRSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSL RPEDTALYYCNKVPWGSYHPRNVYWGQGTQVTVSS

[0334]

454.	01H05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGRYHPRNVYWGQGTQVTVSS
455.	02F06	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGRYHPRNVYWGQGTQVTVSS
456.	02G07	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPMGWYRQAPG KQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPRDVYWGQGTQVTVSS
457.	01F07- M34Y	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPYGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTIYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
458.	01F01- M34G	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPGGWYRQAPG KQRELVAAIHGFSTIYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLR PEDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
459.	02G02- M34Y	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPYGWYRQAPGK QRELVAAIHGASTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
460.	02G02- M34G	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPGGWYRQAPGK QRELVAAIHGASTLYADSVKGRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRP EDTALYYCNKVPWGDYHPGNVYWGQGTQVTVSS
461.	F1	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAAS
462.	F1	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCVAS
463.	F2	WYRQAPGKQRELVA
464.	F3	GRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNK
465.	F3	GRFTISRDNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNE
466.	F4	WGQGTQVTVSS
467.	F4	WGKGTQVTVSS
468.	인간 BCMA	MLQMAGQCSQNEYFDSLLHACIPCQLRCSSNTPPLTCQRYCN ASVTNSVKGTNAILWTCLGLSLIISLAVFVLMFLLRKINSEPLK DEFKNTGSGLLGMANIDLEKSRTGDEIILPRGLEYTVEECTCE DCIKSKPKVDSDHCFPLPAMEEGATILVTTKTNDYCKSLPAAL SATEIEKSISAR
469.	뮤린 BCMA	MAQQCFHSEYFDSLLHACKPCHLRCSNPPATCQPYCDPSVTS SVKGTYTVLWIFLGLTLVLSLALFTISFLLRKMNPEALKDEPQ SPGQLDGSAQLDKADTELTRIRAGDDRIFPRSLEYTVEECTCE DCVKSKPKGDSDHFFPLPAMEEGATILVTTKTGDYGKSSVPT ALQSVMGMEKPTHTR
470.	시아노몰 구스	MLQMARQCSQNEYFDSLLHDCKPCQLRCSSTPPLTCQRYCNA SMTNSVKGMNAILWTCLGLSLIISLAVFVLTFLLRKMSSEPLK DEFKNTGSGLLGMANIDLEKGRTGDEIVLPRGLEYTVEECTCE DCIKNKPKVDSDHCFPLPAMEEGATILVTTKTNDYCNSLSAA

[0335]

	BCMA	LSVTEIEKSISAR
471.	6x His 태그	His-His-His-His-His-His

서열번호	구축물 명칭	서열
472.	예시적 링커 서열	(GS)n
473.	예시적 링커 서열	(GGS)n
474.	예시적 링커 서열	(GGGS)n
475.	예시적 링커 서열	(GGSG)n
476.	예시적 링커 서열	(GGSGG)n
477.	예시적 링커 서열	(GGGGS)n
478.	예시적 링커 서열	(GGGGG)n
479.	예시적 링커 서열	(GGG)n
480.	예시적 링커 서열	(GGGGS)4
481.	예시적 링커 서열	(GGGGS)3
482.	예시적 링커 서열	LPETG
483.	예시적 BH2T TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPRN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
484.	예시적 01A01	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTDIFSISPMGW

[0336]

[0337]

서열번호	구축물 명칭	서열
	TriTAC 서열	YRQAPGKQRELVAAIHGGSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVAWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
485.	예시적 02E09 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNDFSISPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGGSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVAWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
486.	예시적 01B03 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSKSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVVWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL

[0338]

서열번호	구축물 명칭	서열
		EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
487.	예시적 01B04 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNDFSISPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVKWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
488.	예시적 02H05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNQFSISPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVVWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY

[0339]

서열번호	구축물 명칭	서열
		ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
489.	예시적 01A02 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGW YRQAPGKQRELVAAINGFSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPRN VHWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
490.	예시적 01A05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPRN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP

[0340]

서열번호	구축물 명칭	서열
		ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
491.	예시적 01B12 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFQTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVVWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
492.	예시적 01G06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFETLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVLWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
493.	예시적 02C05	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSESPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFTTLYADSVKGRFTISRD

[0341]

서열번호	구축물 명칭	서열
	TriTAC 서열	NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVTWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
494.	예시적 02G09 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSDSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVAWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
495.	예시적 01C08 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSNSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGGSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVHWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL

[0342]

서열번호	구축물 명칭	서열
		QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
496.	예시적 02B01 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSNSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGRSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVMWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGG GLVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKG LEWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLY LQMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSG GGGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGF TFNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATY YADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAV YYCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGG SGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
497.	예시적 02E03 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSNSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGPSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVTWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY

[0343]

서열번호	구축물 명칭	서열
		YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
498.	예시적 01D03 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSNSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVRWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
499.	예시적 01D06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVTWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN

[0344]

서열번호	구축물 명칭	서열
		RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
500.	예시적 01H04 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSKSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGQSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVTWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
501.	예시적 02B07 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGHSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVTWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
502.	예시적 01A08 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR

[0345]

서열번호	구축물 명칭	서열
		KVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
503.	예시적 01B07 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGIYHPRN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
504.	예시적 01F03 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSESPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGTYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG

[0346]

서열번호	구축물 명칭	서열
		GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
505.	예시적 02F05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSVSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGKYHP RNVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
506.	예시적 02H04 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSVSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS

[0347]

서열번호	구축물 명칭	서열
		GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
507.	예시적 02A07 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSKSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP REVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
508.	예시적 01D05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSDSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH

[0348]

서열번호	구축물 명칭	서열
509.	예시적 01E05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGKYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
510.	예시적 01F02 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSHSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHP RNVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
511.	예시적 02C06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL

[0349]

서열번호	구축물 명칭	서열
		VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
512.	예시적 02F11 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVQWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
513.	예시적 01E06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSLSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF

[0350]

서열번호	구축물 명칭	서열
		NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
514.	예시적 01A03 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSISPGGW YRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPRN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
515.	예시적 02A11 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNHFSISPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RVVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS

[0351]

서열번호	구축물 명칭	서열
		TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
516.	예시적 01D07 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSASPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVNWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
517.	예시적 01D10 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSASPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHP RNVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH

[0352]

서열번호	구축물 명칭	서열
518.	예시적 01A07 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNISSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
519.	예시적 02F12 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIESISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
520.	예시적 02B05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSISPYGW YRQAPGKQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL

[0353]

서열번호	구축물 명칭	서열
		VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
521.	예시적 01E04 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIASISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
522.	예시적 02A05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIASISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF

[0354]

서열번호	구축물 명칭	서열
		NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
523.	예시적 02C03 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIASISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPGN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
524.	예시적 01E03 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST

[0355]

서열번호	구축물 명칭	서열
		GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
525.	예시적 01H09 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIMSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
526.	예시적 02G05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH

[0356]

서열번호	구축물 명칭	서열
527.	예시적 01C01 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIVSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGHSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
528.	예시적 01D02 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIVSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
529.	예시적 02D09 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNVVSISPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP NNVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG

[0357]

서열번호	구축물 명칭	서열
		LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
530.	예시적 02C01 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIISISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGASTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
531.	예시적 02G02 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGASTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF

[0358]

서열번호	구축물 명칭	서열
		NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
532.	예시적 01B05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFETLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
533.	예시적 01G08 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIQSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFETLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST

[0359]

서열번호	구축물 명칭	서열
		GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
534.	예시적 01H06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTSDFSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFETLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
535.	예시적 01F04 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIDSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFQTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH

[0360]

서열번호	구축물 명칭	서열
536.	예시적 01H08 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIMSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTVYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
537.	예시적 02F07 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIESISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPGN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
538.	예시적 01C05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFKTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTARYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL

[0361]

서열번호	구축물 명칭	서열
		VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
539.	예시적 02F04 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPGN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
540.	예시적 02B06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSNSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP GNVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT

[0362]

서열번호	구축물 명칭	서열
		FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
541.	예시적 01F07 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTIYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPGN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
542.	예시적 02B04 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTIYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPLN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST

[0363]

서열번호	구축물 명칭	서열
		GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
543.	예시적 01H11 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCVASTNIFSTSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPGN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
544.	예시적 02E06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSDSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGFSTFYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP GNVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH

[0364]

서열번호	구축물 명칭	서열
545.	예시적 01E08 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSQSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP GNVCWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
546.	예시적 02A04 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSQSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP SNVYWGKGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
547.	예시적 02A08 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL

[0365]

서열번호	구축물 명칭	서열
		VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
548.	예시적 02E05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGISTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPGN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
549.	예시적 02H09 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSRSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPGN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF

[0366]

서열번호	구축물 명칭	서열
		NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
550.	예시적 02G06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSGSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP GNVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
551.	예시적 01B09 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASSNIFSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPGN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST

서열번호	구축물 명칭	서열
		GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
552.	예시적 02F03 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSIYPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPKN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
553.	예시적 02F02 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSKSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP GNVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH

[0367]

[0368]

서열번호	구축물 명칭	서열
554.	예시적 02H01 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSKSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP RNVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
555.	예시적 01G10 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNEFSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGLSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGAYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
556.	예시적 02D11 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNEFSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL

[0369]

서열번호	구축물 명칭	서열
		VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
557.	예시적 01B01 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIPSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVAWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
558.	예시적 01G11 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIPSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGASTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVAWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF

[0370]

서열번호	구축물 명칭	서열
		NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
559.	예시적 01H10 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIPSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
560.	예시적 01C04 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIPSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST

[0371]

서열번호	구축물 명칭	서열
		GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
561.	예시적 01D04 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGVSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVQWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
562.	예시적 01E07 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIPSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGQSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVQWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH

[0372]

서열번호	구축물 명칭	서열
563.	예시적 02B11 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIVSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVSWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
564.	예시적 01F10 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASSNIFSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVTWGQGTQVTVSS GGGGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGNSLRLSCAASG FTFSKFGMSWVRQAPGKGLEWVSSISGSGRDTLYA DSVKGRFTISRDNAKTTLYLQMNSLRPEDTAVYYC TIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESG GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAINWVRQAPGK GLEWVARIRSKYNNYATYYADQVKDRFTISRDDSK NTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHANFGNSYISYW AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQ EPSLTVSPGGTVTLTCASSTGAVTSGNYPNWVQQK PGQAPRGLIGGTKFLVPGTPARFSGSLLGGKAALTL SGVQPEDEAEYYCTLWYSNRWVFGGGTKLTVLHH HHHH
565.	예시적 02G08 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIDSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR

[0373]

서열번호	구축물 명칭	서열
		NVTWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
566.	예시적 02G11 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIDSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPRN VTWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
567.	예시적 02H06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIRSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPRN VVWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG

[0374]

서열번호	구축물 명칭	서열
		GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
568.	예시적 01B02 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSISPMGW YRQAPGKQRELVAAISGFSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNEVPWGDYHPRN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
569.	예시적 02H11 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG

[0375]

서열번호	구축물 명칭	서열
		GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
570.	예시적 01F08 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNITSVSPMG WYRQAPGKQRELVAAIHGPSTLYADSVKGRFTISR DNAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHP TNVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGG LVQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGL EWVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYL QMNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGG GGSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT FNKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY YCVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGS GGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGT PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYS NRWVFGGGTKLTVLHHHHHH
571.	예시적 01H01 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIGSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGQSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPQ NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH

[0376]

서열번호	구축물 명칭	서열
572.	예시적 01E10 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIESISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGKSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR RVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
573.	예시적 01G01 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIVSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR RVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
574.	예시적 01G04 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIDSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR MVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL

[0377]

서열번호	구축물 명칭	서열
		VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
575.	예시적 01A04 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFMISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
576.	예시적 01F12 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFRISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF

[0378]

서열번호	구축물 명칭	서열
		NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
577.	예시적 01B06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGEYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
578.	예시적 01C06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGDSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGKYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST

[0379]

서열번호	구축물 명칭	서열
		GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
579.	예시적 01B08 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIESISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGSSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHPRN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
580.	예시적 01C02 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIESISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGNSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH

[0380]

서열번호	구축물 명칭	서열
581.	예시적 01C10 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNISSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGYYHPRN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
582.	예시적 01F09 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNISSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGHSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
583.	예시적 02D06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNISSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTVYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL

[0381]

서열번호	구축물 명칭	서열
		VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
584.	예시적 01A06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSIRPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTVYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
585.	예시적 01C07 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSIYPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTYYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGSYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF

[0382]

서열번호	구축물 명칭	서열
		NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
586.	예시적 01G09 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFNISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTYYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
587.	예시적 01F05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSSSPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTWYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST

[0383]

서열번호	구축물 명칭	서열
		GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
588.	예시적 02B12 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNISSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFDTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
589.	예시적 02G01 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSINPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFDTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPR NVSWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH

[0384]

서열번호	구축물 명칭	서열
590.	예시적 01A09 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGRSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGSYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
591.	예시적 01H05 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGTSTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
592.	예시적 02F06 TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGESTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGRYHPR NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL

서열번호	구축물 명칭	서열
		NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
595.	예시적 01F01-M34G TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSTSPGGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTIYADSVKGRFTISRDN AKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPGN VYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGLV QPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
596.	예시적 02G02-M34Y TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPYGW YRQAPGKQRELVAAIHGASTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST

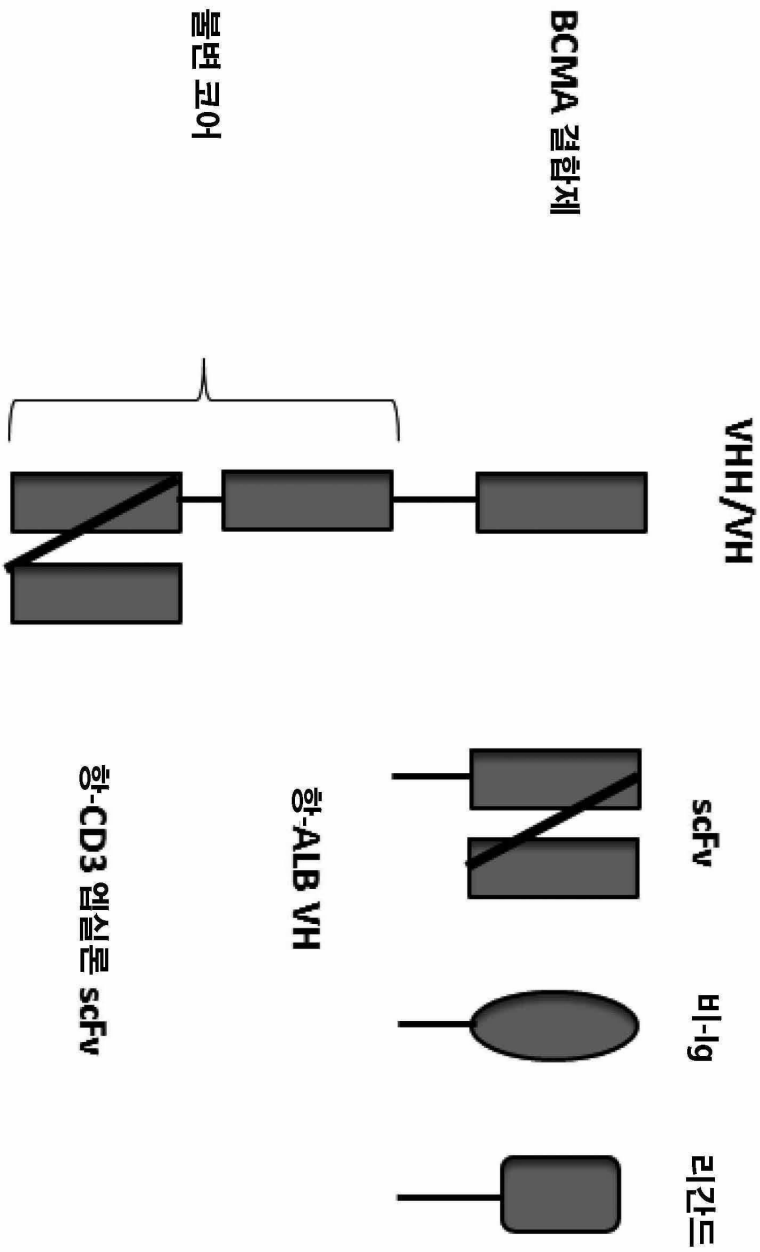
[0386]

[0387]

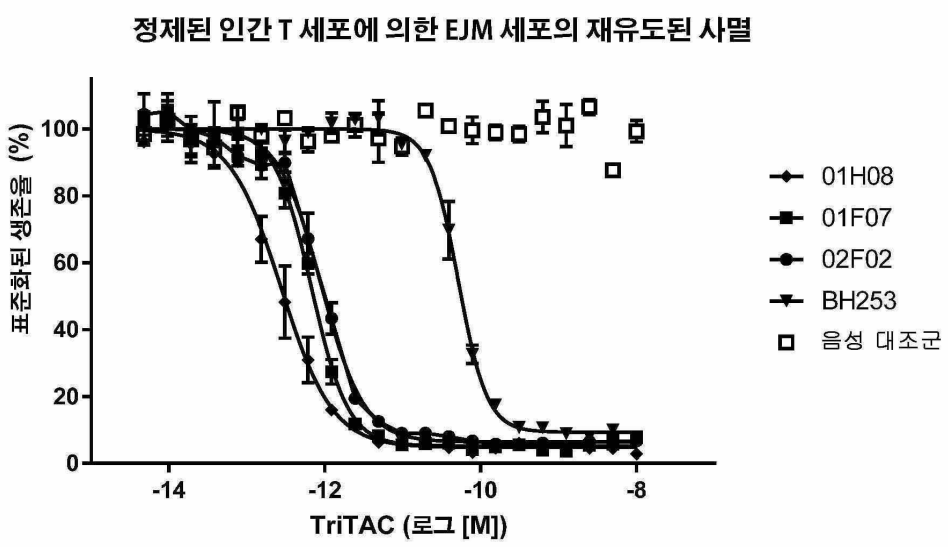
서열번호	구축물 명칭	서열
		GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
597.	예시적 02G02-M34G TriTAC 서열	EVQLVESGGGLVQPGRSLTLSCAASTNIFSITPGGW YRQAPGKQRELVAAIHGASTLYADSVKGRFTISRD NAKNSIYLQMNSLRPEDTALYYCNKVPWGDYHPG NVYWGQGTQVTVSSGGGGSGGGSEVQLVESGGGL VQPGNSLRLSCAASGFTFSKFGMSWVRQAPGKGLE WVSSISGSGRDTLYADSVKGRFTISRDNAKTTLYLQ MNSLRPEDTAVYYCTIGGSLSVSSQGTLVTVSSGGG GSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTF NKYAINWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA DQVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY CVRHANFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSG GGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCASST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLVPGTP ARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCTLWYSN RWVFGGGTKLTVLHHHHHH
598.	253BH10(라마 항-BCMA 항체)	QVQLVESGGGLVQPGESLRLSCAASTNIFSISPMGW YRQAPGKQRELVAAIHGFSTLYADSVKGRFTISRDN AKNTIYLQMNSLKPEDTAVYYCNKVPWGDYHPRN VYWGQGTQVTVSS
599.	253BH10 CDR1	TNIFSISPMG
600.	253BH10 CDR2	AIHGFSTLYADSVK
601.	253BH10 CDR3	VPWGDYHPRNVY

도면

도면1

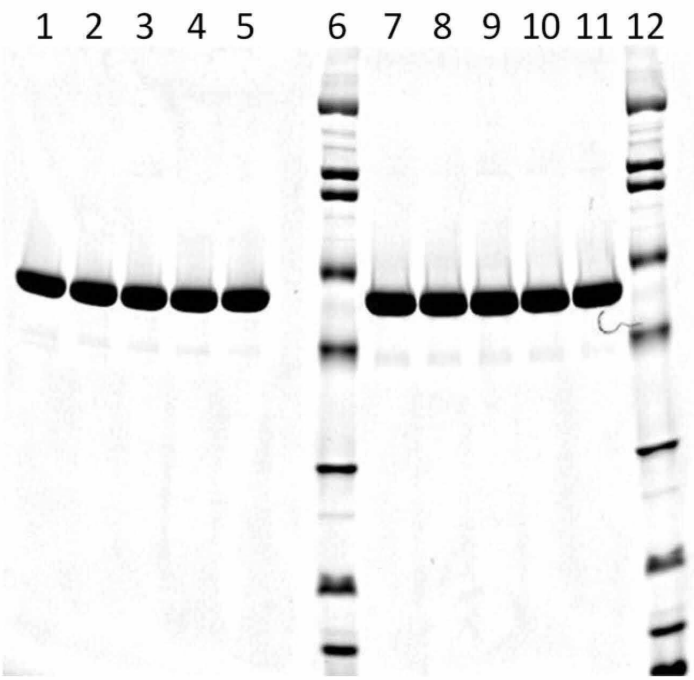


도면2


정제된 인간 T 세포에 의한 EJM 세포의 재유도된 사멸
표준화된 생존율 (%)
100
80
60
40
20
0
-14
-12
-10
-8
TriTAC (로그 [M])
01H08
01F07
02F02
BH253
음성 대조군

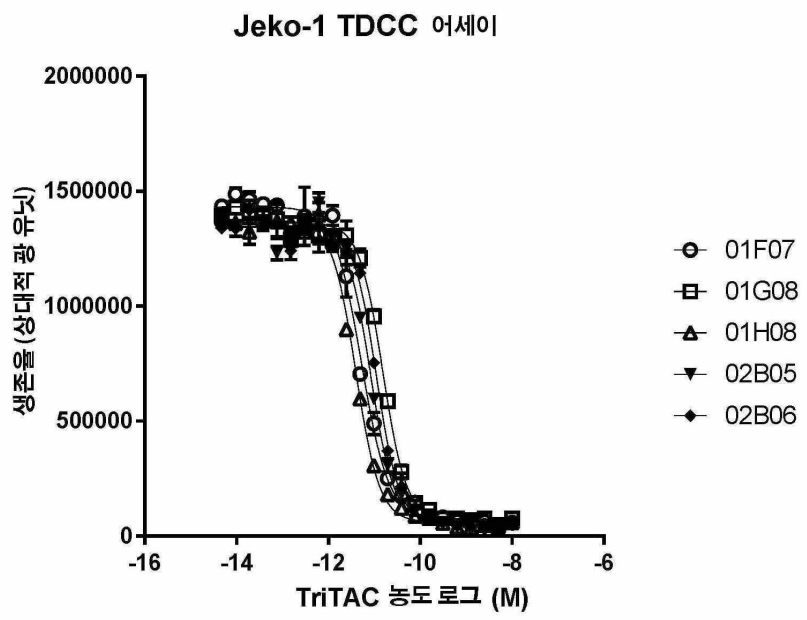
도면3

정제된 BCMA 표적화 삼중특이적 단백질의 SDS-PAGE

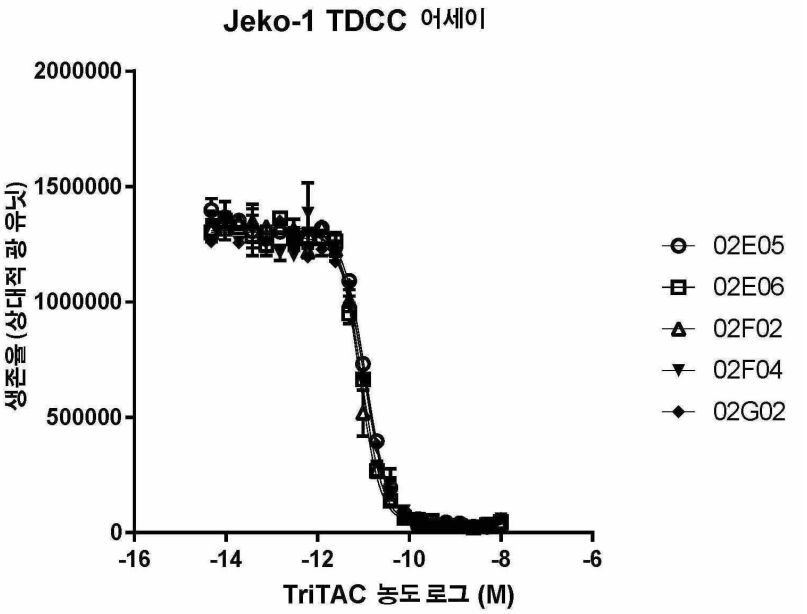


레인 1: 01F07-M34Y TriTAC 비환원
레인 2:01F07-M34G-TriTAC 비환원
레인 3: 02B05 TriTAC 비환원
레인 4: 02G02-M34Y TriTAC 비환원
레인 5: 02G02 M34G TriTAC 비환원
레인 6: 광범위 SDS-PAGE 표준 (바이오-라드 #1610317)
레인 7: 01F07-M34Y TriTAC 비환원
레인 8:01F07-M34G-TriTAC 비환원
레인 9: 02B05 TriTAC 비환원
레인 10: 02G02-M34Y TriTAC 비환원
레인 11: 02G02 M34G TriTAC 비환원
레인 12: 광범위 SDS-PAGE 표준 (바이오-라드 #1610317)

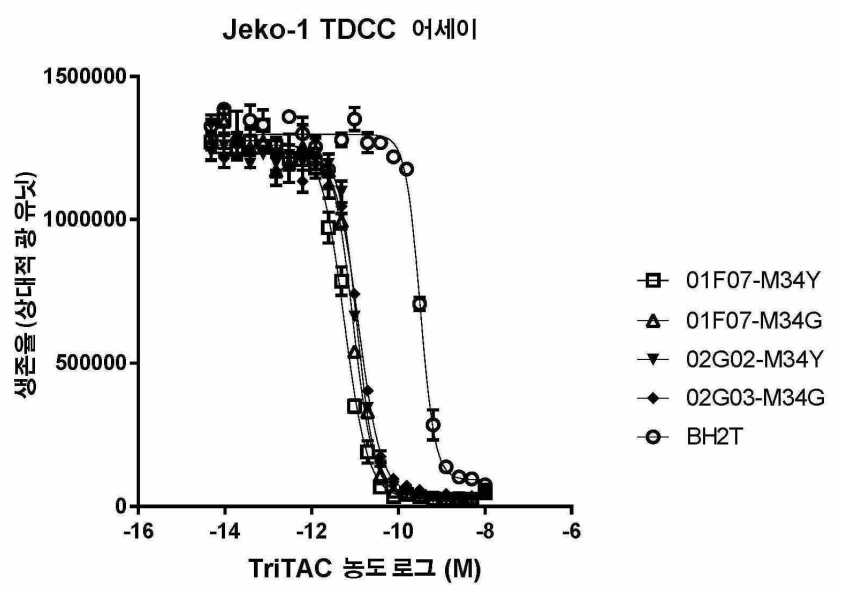
도면4a


Jeko-1 TDCC 어세이
생존율 (상대적 광 유닛)
2000000
1500000
1000000
500000
0
-16
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 농도 로그 (M)
01F07
01G08
01H08
02B05
02B06

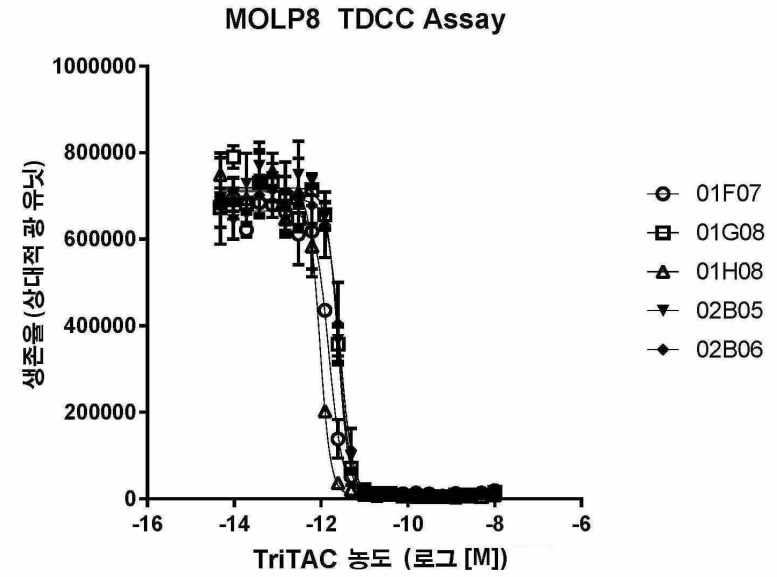
도면4b


Jeko-1 TDCC 어세이
생존율 (상대적 광 유닛)
2000000
1500000
1000000
500000
0
-16
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 농도 로그 (M)
02E05
02E06
02F02
02F04
02G02

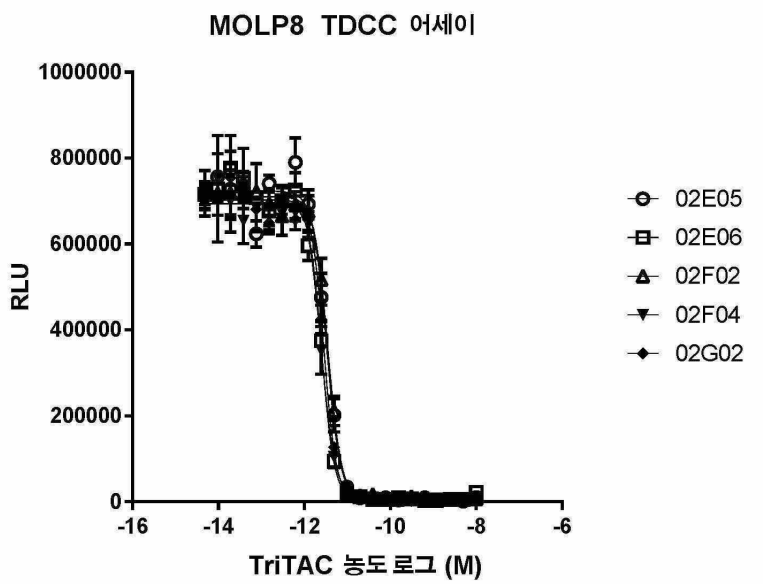
도면4c


Jeko-1 TDCC 어세이
1500000
1000000
500000
0
생존율 (상대적 광 유닛)
-16
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 농도 로그 (M)
01F07-M34Y
01F07-M34G
02G02-M34Y
02G03-M34G
BH2T

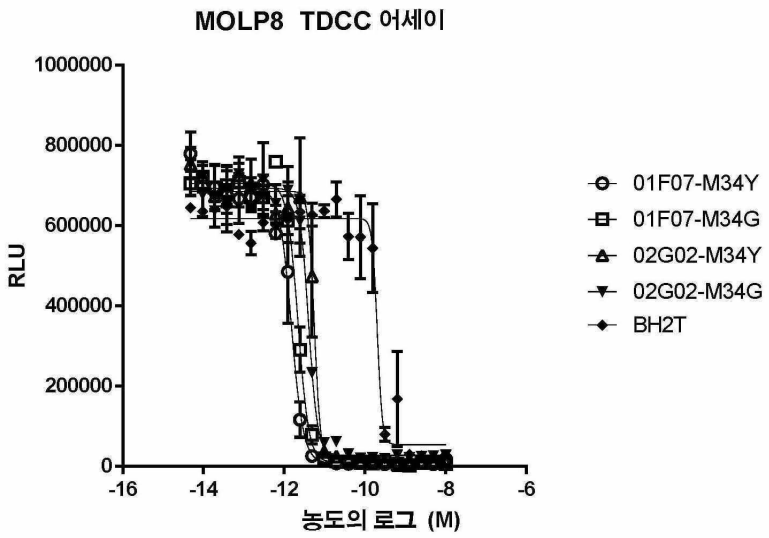
도면4d


MOLP8 TDCC Assay
1000000
800000
600000
400000
200000
0
생존율 (상대적 광 유닛)
-16
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 농도 (로그 [M])
01F07
01G08
01H08
02B05
02B06

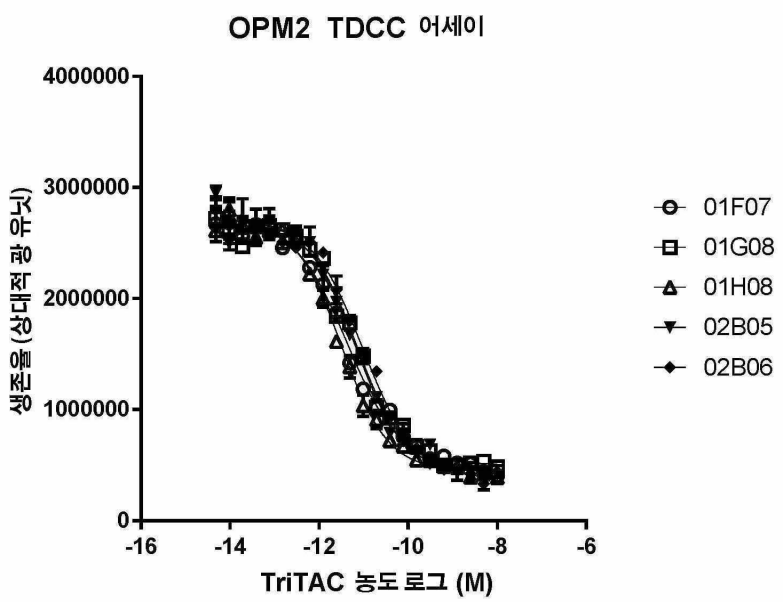
도면4e


MOLP8 TDCC 어세이
1000000
800000
600000
400000
200000
0
RLU
-16
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 농도 로그 (M)
02E05
02E06
02F02
02F04
02G02

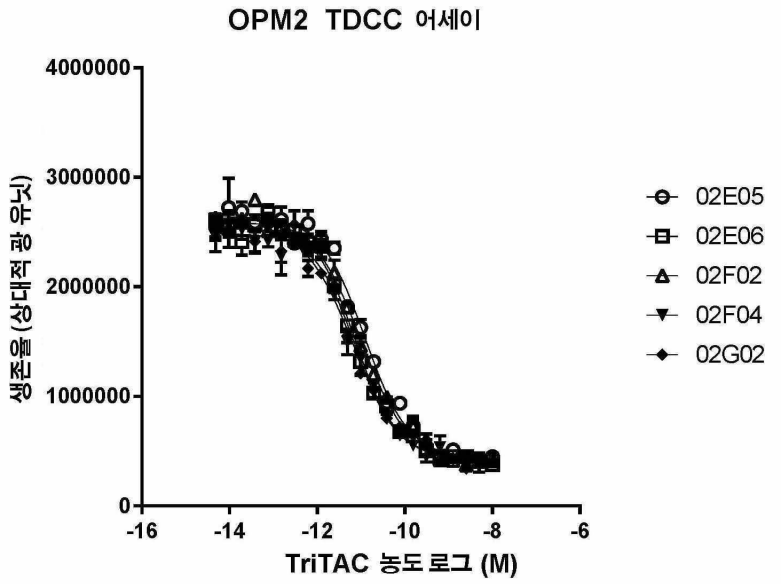
도면4f


MOLP8 TDCC 어세이
1000000
800000
600000
400000
200000
0
RLU
-16
-14
-12
-10
-8
-6
농도의 로그 (M)
01F07-M34Y
01F07-M34G
02G02-M34Y
02G02-M34G
BH2T

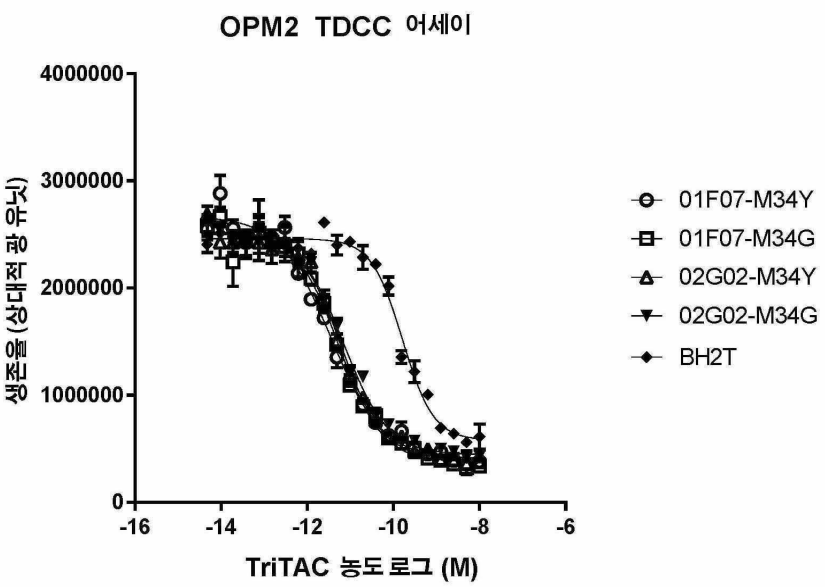
도면4g


OPM2 TDCC 어세이
4000000
3000000
2000000
1000000
0
생존율 (상대적 광 유닛)
-16
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 농도 로그 (M)
01F07
01G08
01H08
02B05
02B06

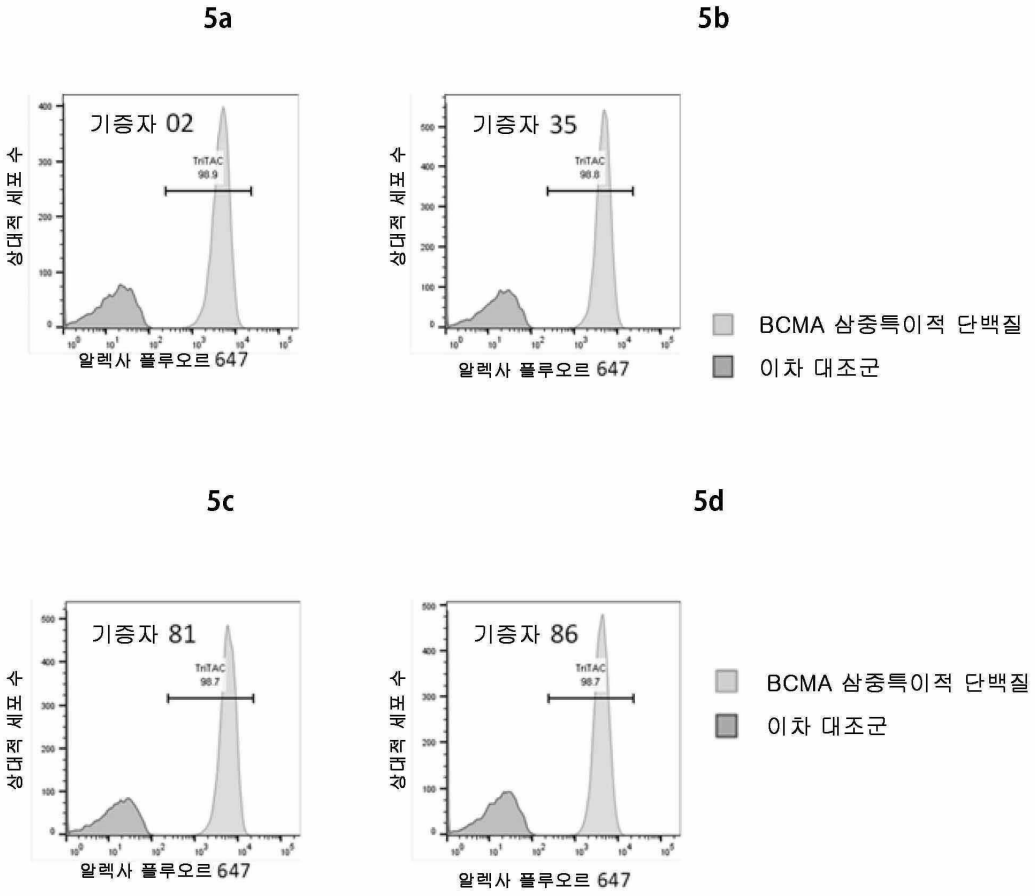
도면4h


OPM2 TDCC 어세이
4000000
3000000
2000000
1000000
0
생존율 (상대적 광 유닛)
-16
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 농도 로그 (M)
02E05
02E06
02F02
02F04
02G02

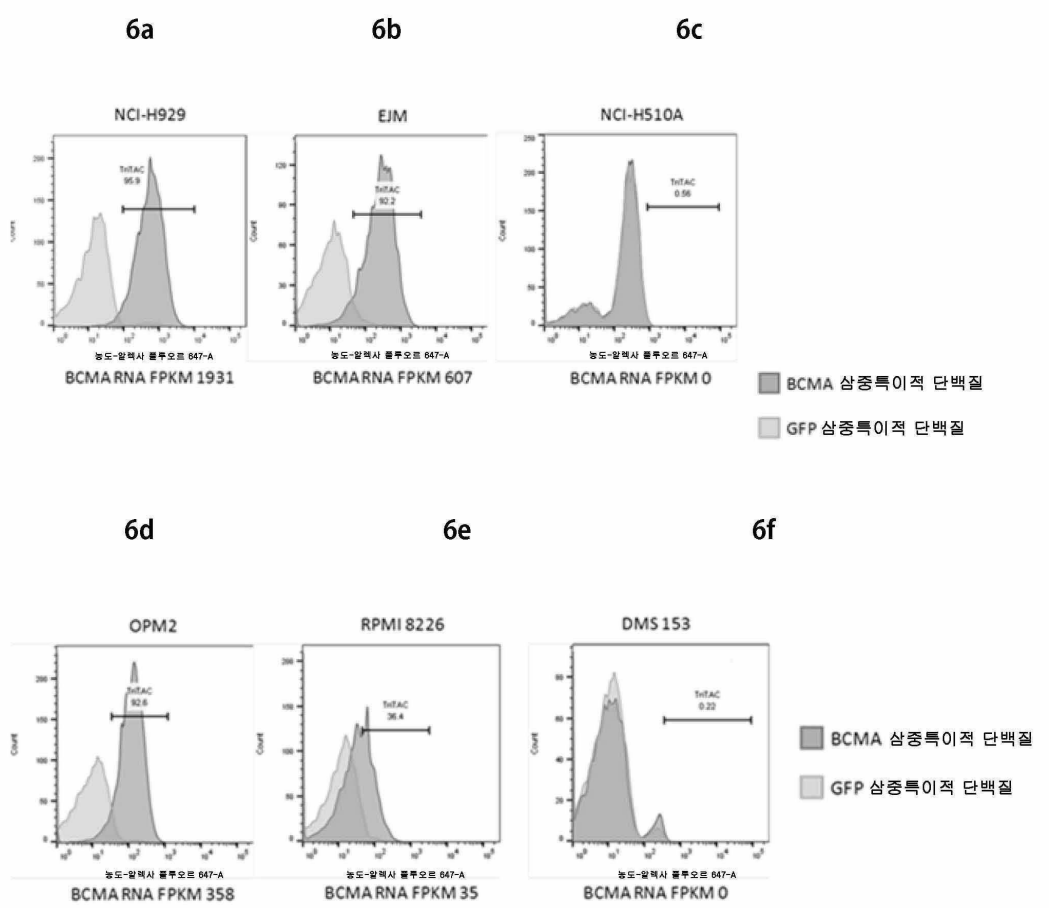
도면4i


OPM2 TDCC 어세이
4000000
3000000
2000000
1000000
0
생존율 (상대적 광 유닛)
-16
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 농도 로그 (M)
01F07-M34Y
01F07-M34G
02G02-M34Y
02G02-M34G
BH2T

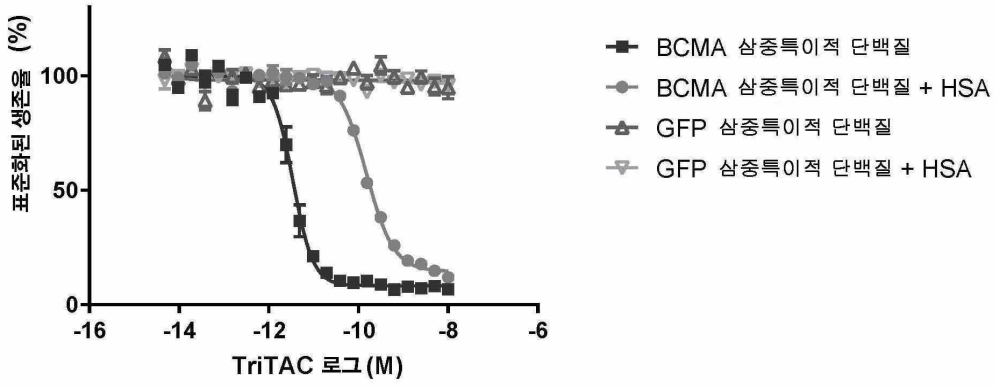
도면5


5a
5b
기증자 02
기증자 35
상대적 세포 수
알렉사 플루오르 647
BCMA 삼중특이적 단백질
이차 대조군
5c
5d
기증자 81
기증자 86

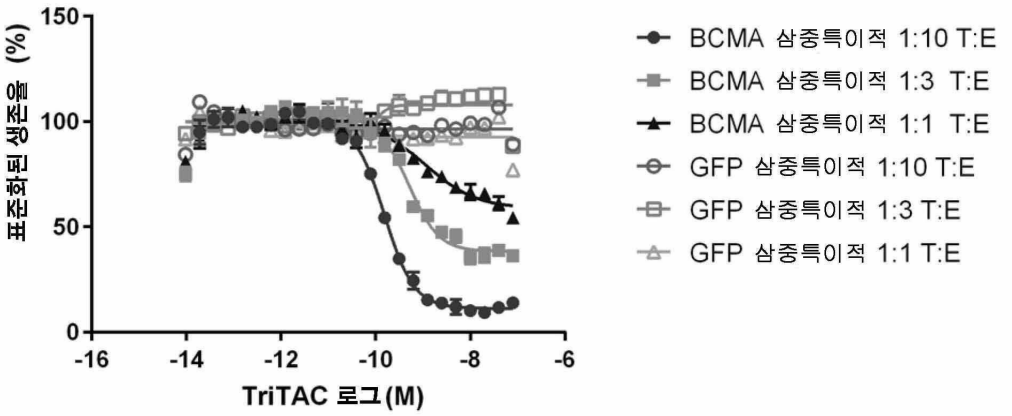
도면6


6a
6b
6c
NCI-H929
EJM
NCI-H510A
BCMA RNA FPKM 1931
BCMA RNA FPKM 607
BCMA RNA FPKM 0
BCMA 삼중특이적 단백질
GFP 삼중특이적 단백질
6d
6e
6f
OPM2
RPMI 8226
DMS 153
BCMA RNA FPKM 358
BCMA RNA FPKM 35
BCMA RNA FPKM 0
BCMA 삼중특이적 단백질
GFP 삼중특이적 단백질

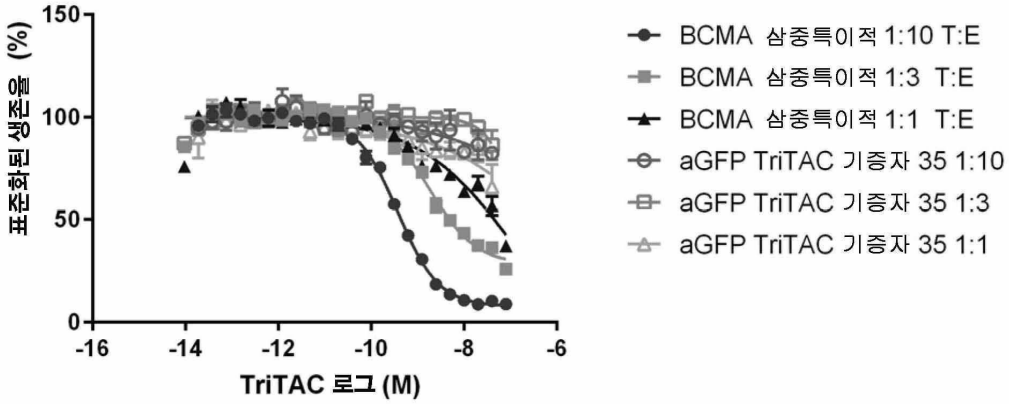
도면7


표준화된 생존율 (%)
100
50
0
-16
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 단백질
BCMA 삼중특이적 단백질 + HSA
GFP 삼중특이적 단백질
GFP 삼중특이적 단백질 + HSA

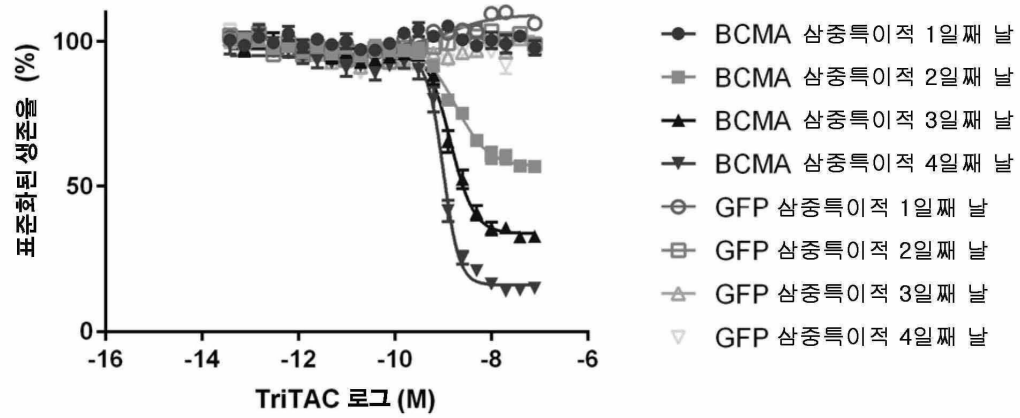
도면8


표준화된 생존율 (%)
150
100
50
0
-16
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 로그(M)
BCMA 삼중특이적 1:10 T:E
BCMA 삼중특이적 1:3 T:E
BCMA 삼중특이적 1:1 T:E
GFP 삼중특이적 1:10 T:E
GFP 삼중특이적 1:3 T:E
GFP 삼중특이적 1:1 T:E

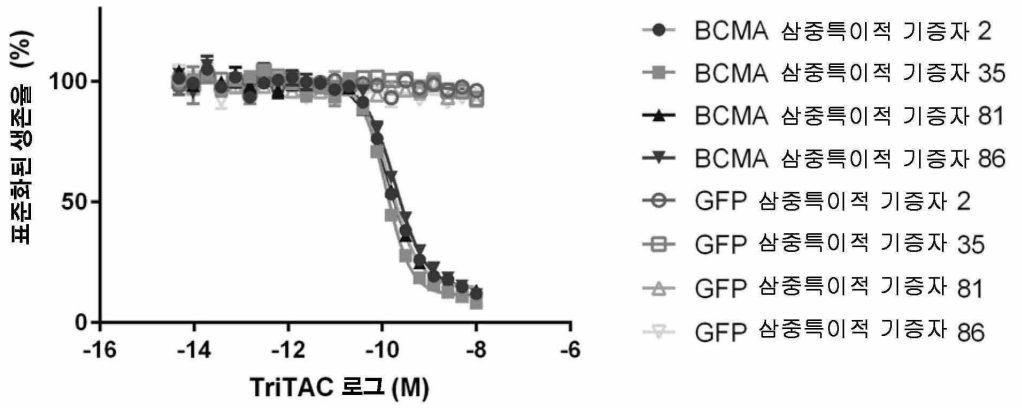
도면9


표준화된 생존율 (%)
150
100
50
0
-16
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 1:10 T:E
BCMA 삼중특이적 1:3 T:E
BCMA 삼중특이적 1:1 T:E
aGFP TriTAC 기증자 35 1:10
aGFP TriTAC 기증자 35 1:3
aGFP TriTAC 기증자 35 1:1

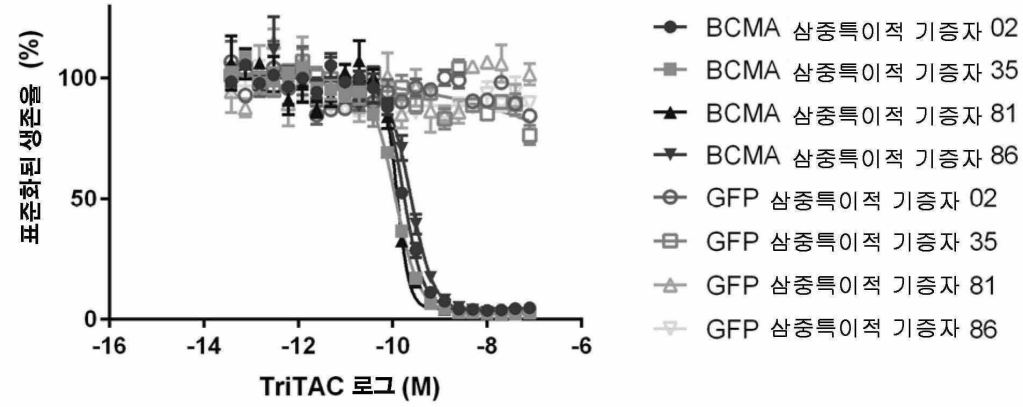
도면10


표준화된 생존율 (%)
100
50
0
-16
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 1일째 날
BCMA 삼중특이적 2일째 날
BCMA 삼중특이적 3일째 날
BCMA 삼중특이적 4일째 날
GFP 삼중특이적 1일째 날
GFP 삼중특이적 2일째 날
GFP 삼중특이적 3일째 날
GFP 삼중특이적 4일째 날

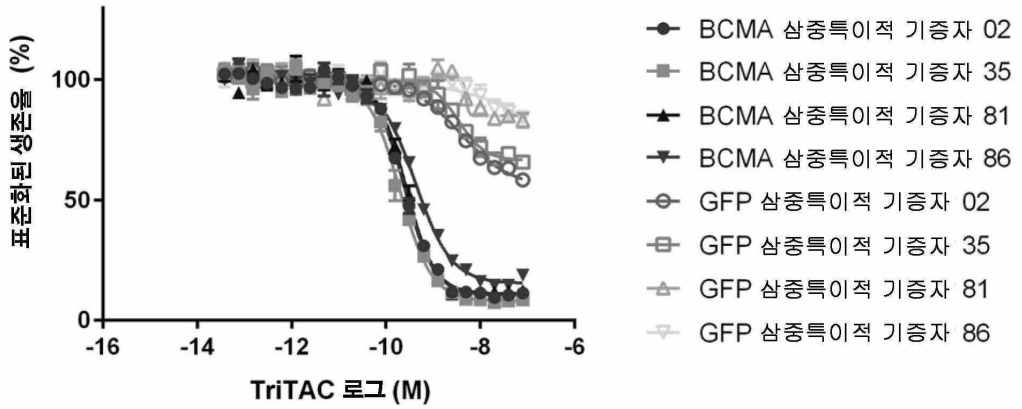
도면11



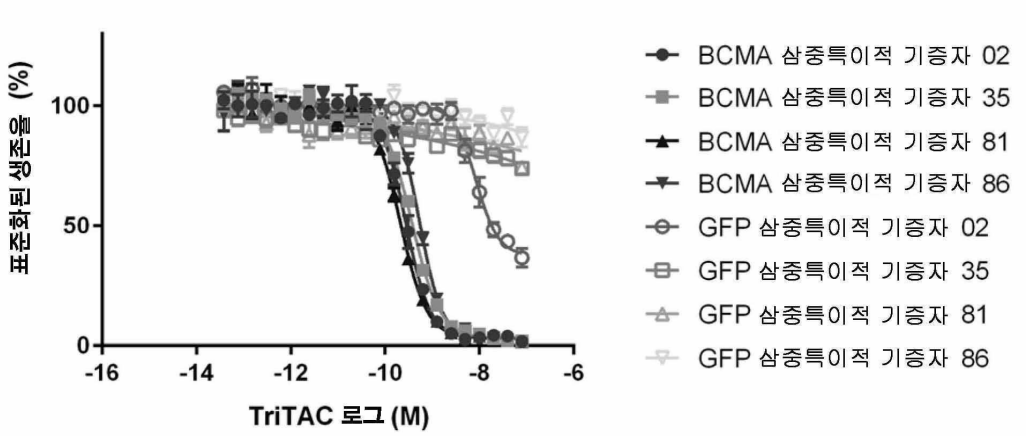
도면12



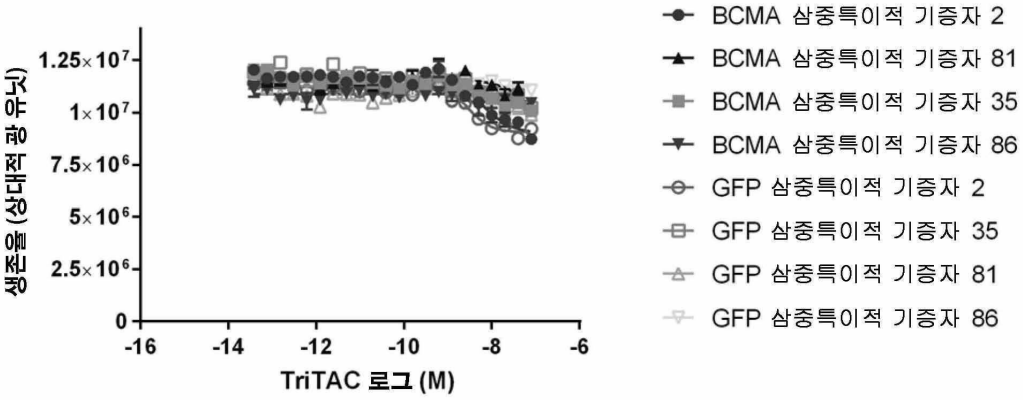
도면13



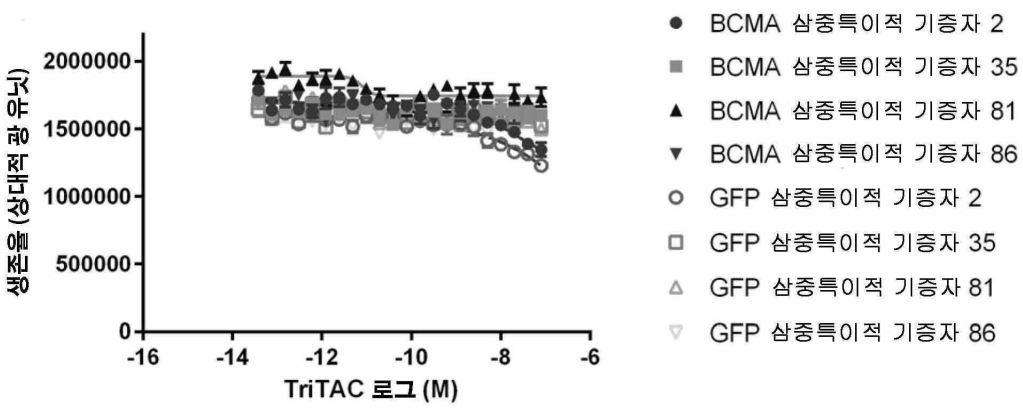
도면14



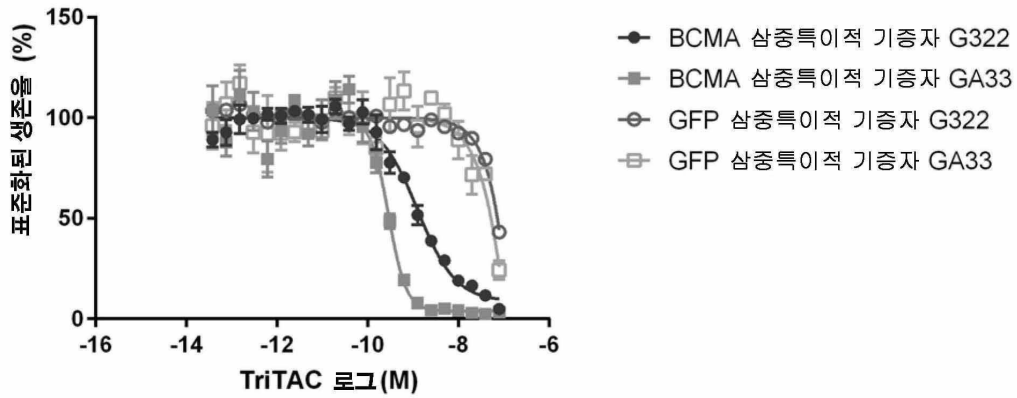
도면15



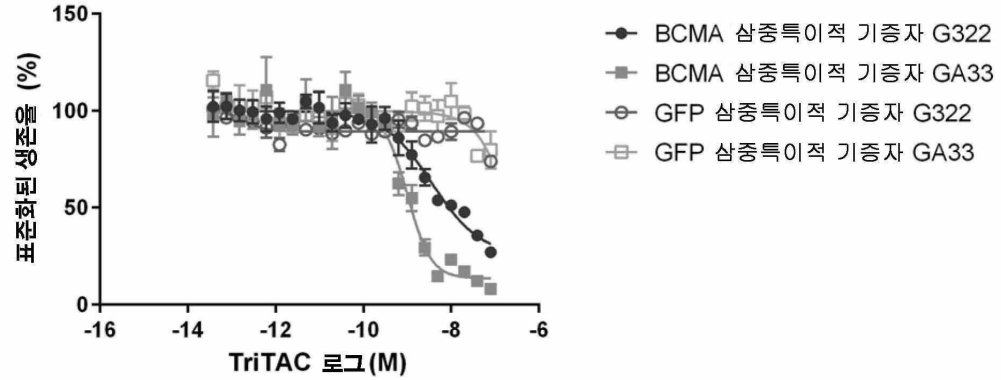
도면16



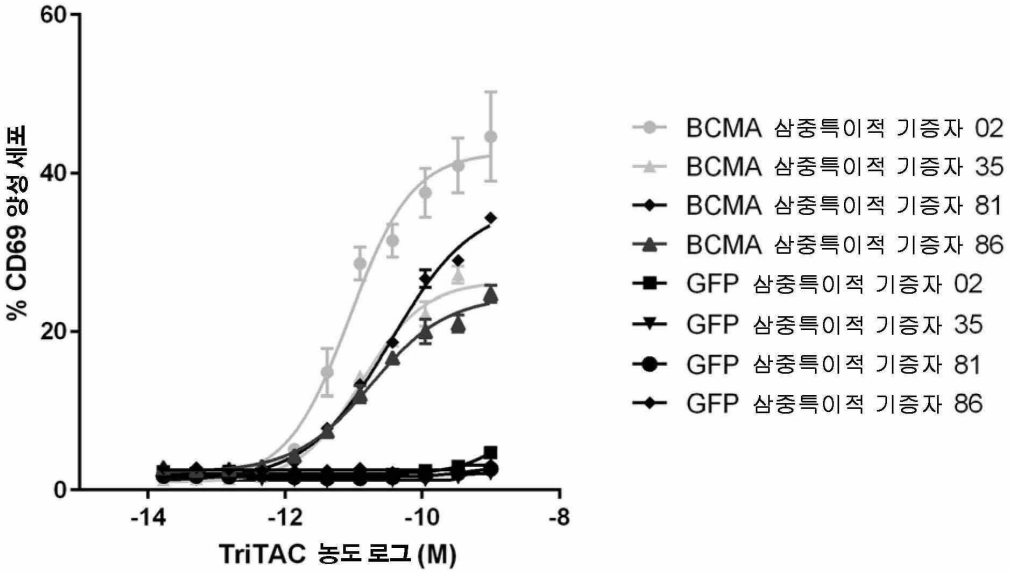
도면17



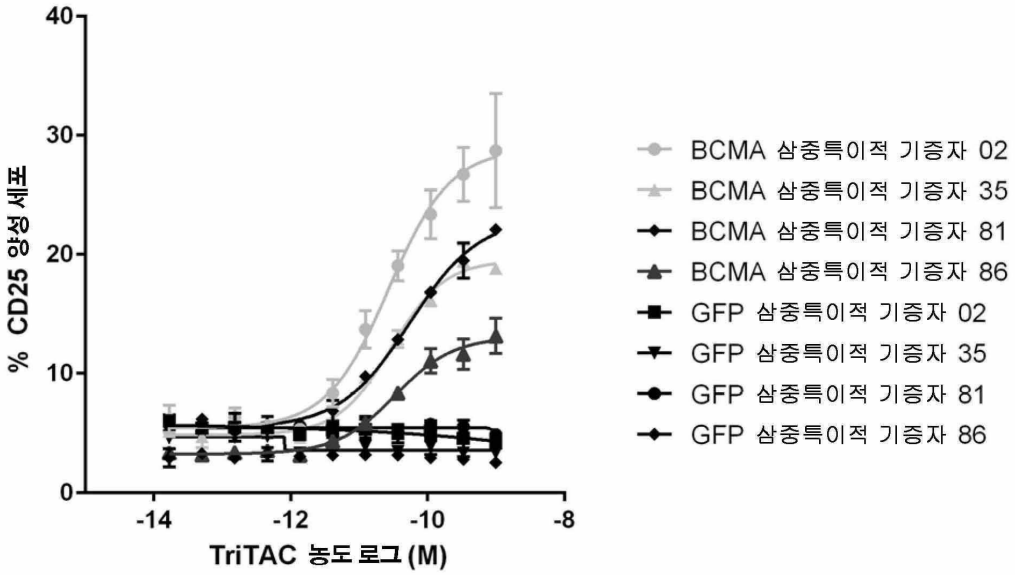
도면18



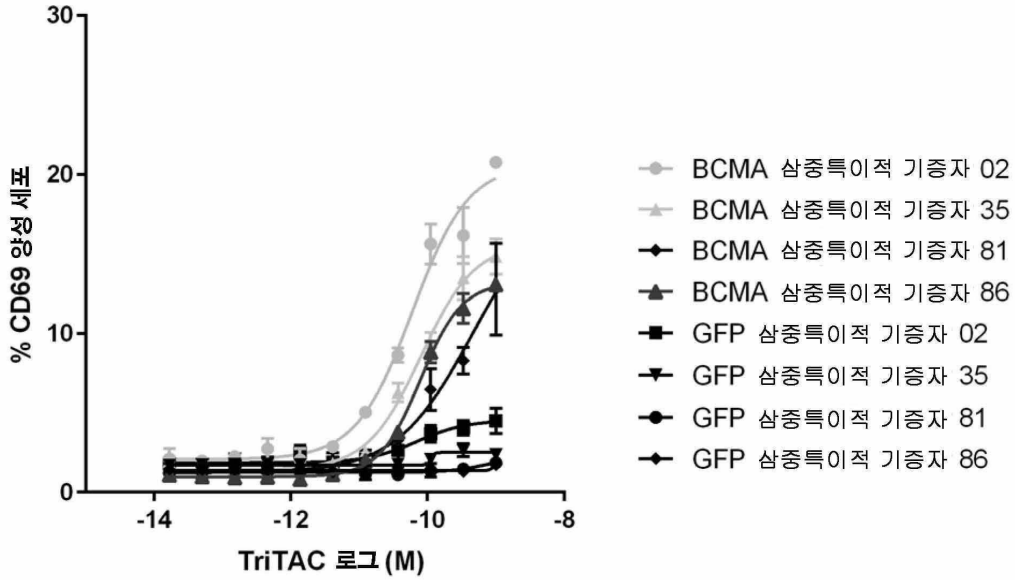
도면19



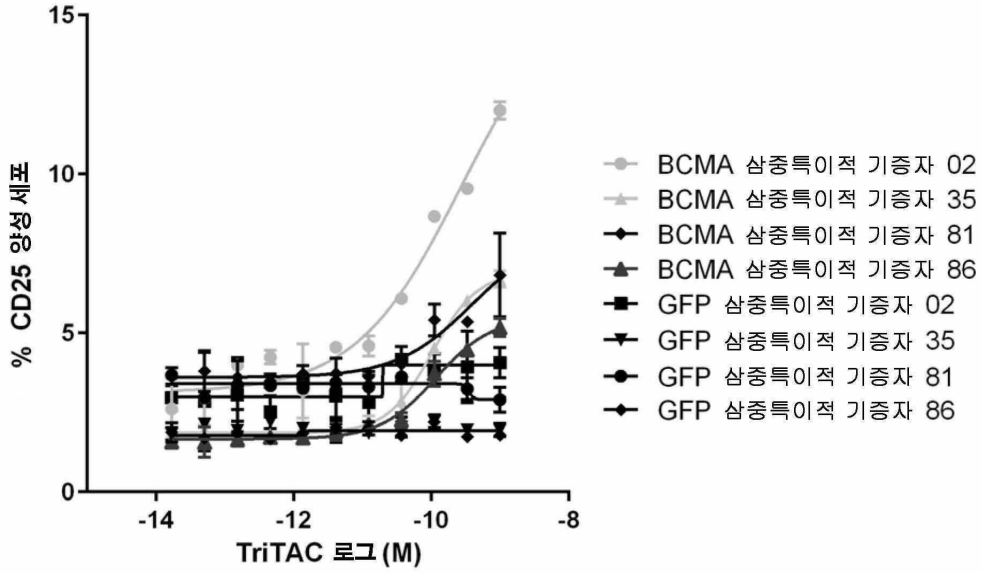
도면20


40
30
20
10
0
% CD25 양성 세포
-14
-12
-10
-8
TriTAC 농도 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 기증자 02
BCMA 삼중특이적 기증자 35
BCMA 삼중특이적 기증자 81
BCMA 삼중특이적 기증자 86
GFP 삼중특이적 기증자 02
GFP 삼중특이적 기증자 35
GFP 삼중특이적 기증자 81
GFP 삼중특이적 기증자 86

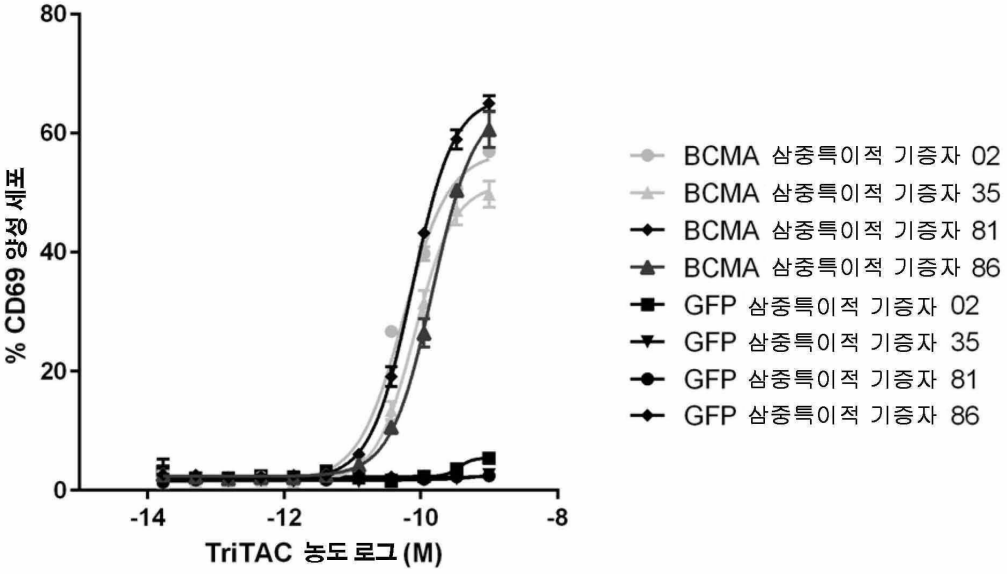
도면21


30
20
10
0
% CD69 양성 세포
-14
-12
-10
-8
TriTAC 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 기증자 02
BCMA 삼중특이적 기증자 35
BCMA 삼중특이적 기증자 81
BCMA 삼중특이적 기증자 86
GFP 삼중특이적 기증자 02
GFP 삼중특이적 기증자 35
GFP 삼중특이적 기증자 81
GFP 삼중특이적 기증자 86

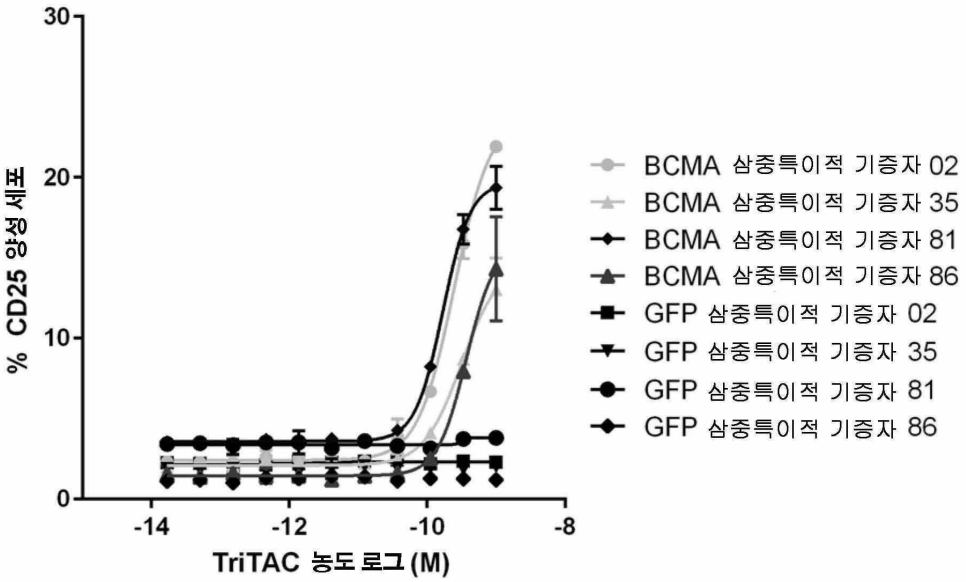
도면22


15
10
5
0
% CD25 양성 세포
-14
-12
-10
-8
TriTAC 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 기증자 02
BCMA 삼중특이적 기증자 35
BCMA 삼중특이적 기증자 81
BCMA 삼중특이적 기증자 86
GFP 삼중특이적 기증자 02
GFP 삼중특이적 기증자 35
GFP 삼중특이적 기증자 81
GFP 삼중특이적 기증자 86

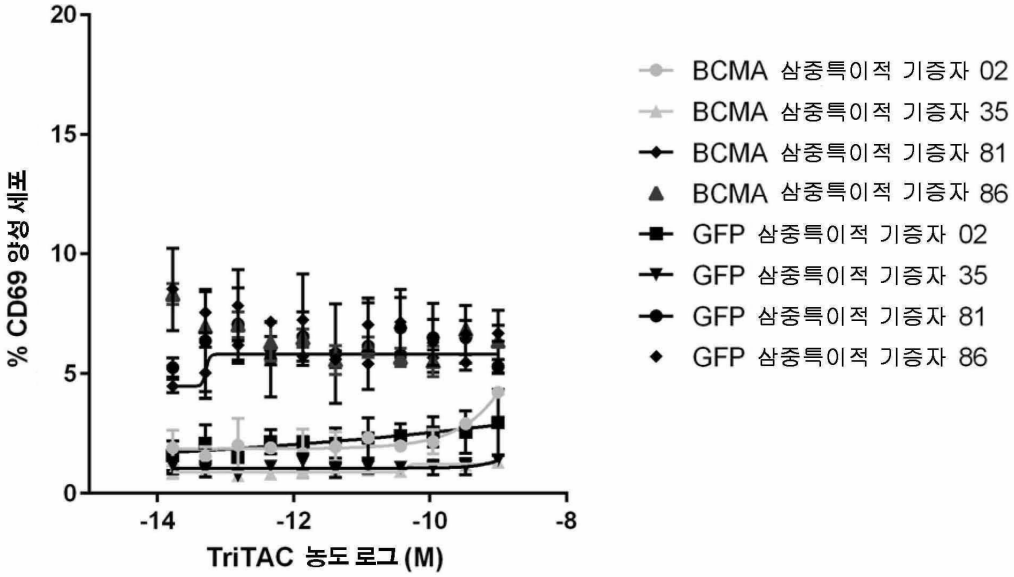
도면23


80
60
40
20
0
% CD69 양성 세포
-14
-12
-10
-8
TriTAC 농도 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 기증자 02
BCMA 삼중특이적 기증자 35
BCMA 삼중특이적 기증자 81
BCMA 삼중특이적 기증자 86
GFP 삼중특이적 기증자 02
GFP 삼중특이적 기증자 35
GFP 삼중특이적 기증자 81
GFP 삼중특이적 기증자 86

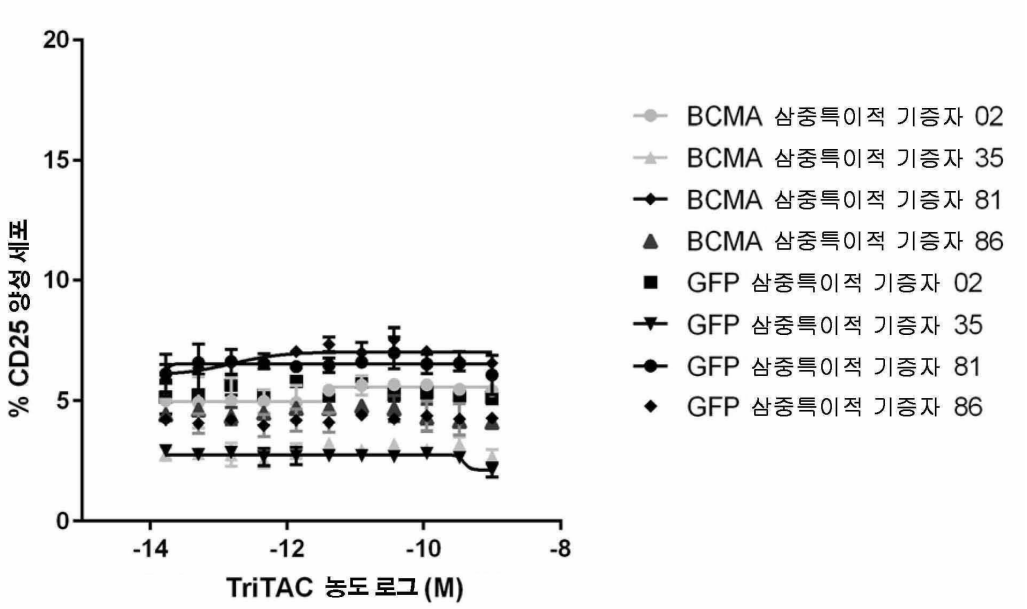
도면24


30
20
10
0
% CD25 양성 세포
-14
-12
-10
-8
TriTAC 농도 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 기증자 02
BCMA 삼중특이적 기증자 35
BCMA 삼중특이적 기증자 81
BCMA 삼중특이적 기증자 86
GFP 삼중특이적 기증자 02
GFP 삼중특이적 기증자 35
GFP 삼중특이적 기증자 81
GFP 삼중특이적 기증자 86

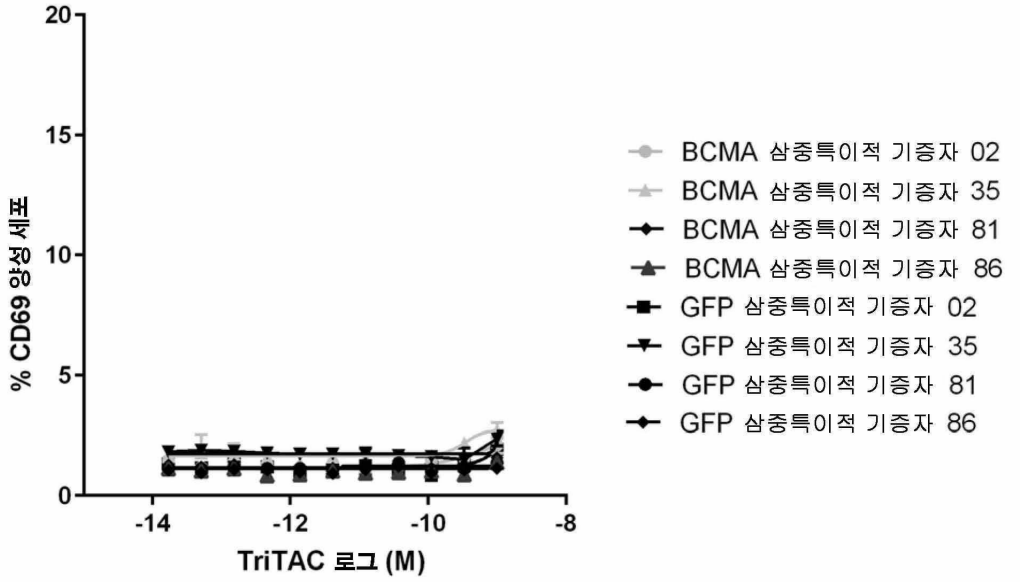
도면25


20
15
10
5
0
% CD69 양성 세포
-14
-12
-10
-8
TriTAC 농도 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 기증자 02
BCMA 삼중특이적 기증자 35
BCMA 삼중특이적 기증자 81
BCMA 삼중특이적 기증자 86
GFP 삼중특이적 기증자 02
GFP 삼중특이적 기증자 35
GFP 삼중특이적 기증자 81
GFP 삼중특이적 기증자 86

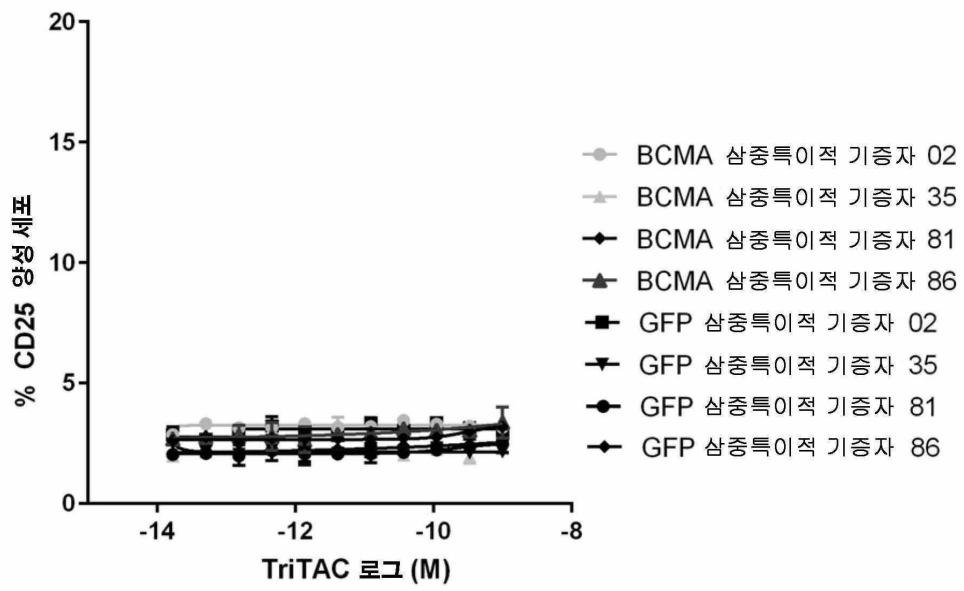
도면26


20
15
10
5
0
% CD25 양성 세포
-14
-12
-10
-8
TriTAC 농도 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 기증자 02
BCMA 삼중특이적 기증자 35
BCMA 삼중특이적 기증자 81
BCMA 삼중특이적 기증자 86
GFP 삼중특이적 기증자 02
GFP 삼중특이적 기증자 35
GFP 삼중특이적 기증자 81
GFP 삼중특이적 기증자 86

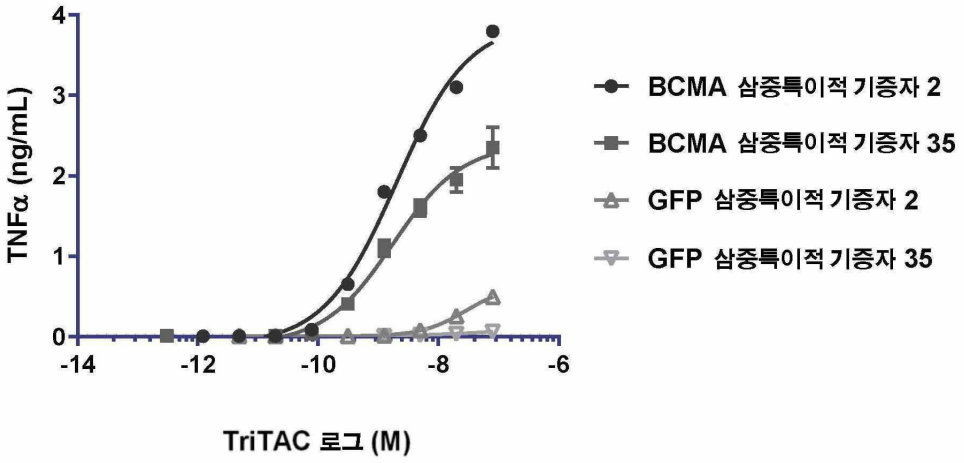
도면27


20
15
10
5
0
% CD69 양성 세포
-14
-12
-10
-8
TriTAC 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 기증자 02
BCMA 삼중특이적 기증자 35
BCMA 삼중특이적 기증자 81
BCMA 삼중특이적 기증자 86
GFP 삼중특이적 기증자 02
GFP 삼중특이적 기증자 35
GFP 삼중특이적 기증자 81
GFP 삼중특이적 기증자 86

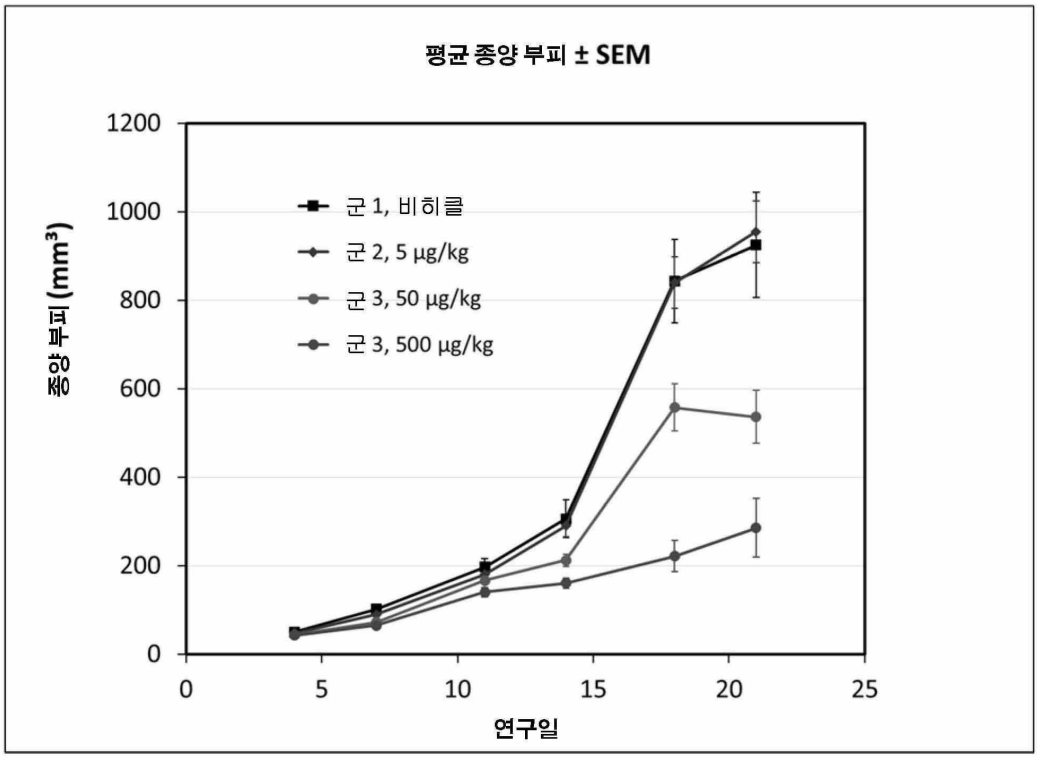
도면28


20
15
10
5
0
% CD25 양성 세포
-14
-12
-10
-8
TriTAC 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 기증자 02
BCMA 삼중특이적 기증자 35
BCMA 삼중특이적 기증자 81
BCMA 삼중특이적 기증자 86
GFP 삼중특이적 기증자 02
GFP 삼중특이적 기증자 35
GFP 삼중특이적 기증자 81
GFP 삼중특이적 기증자 86

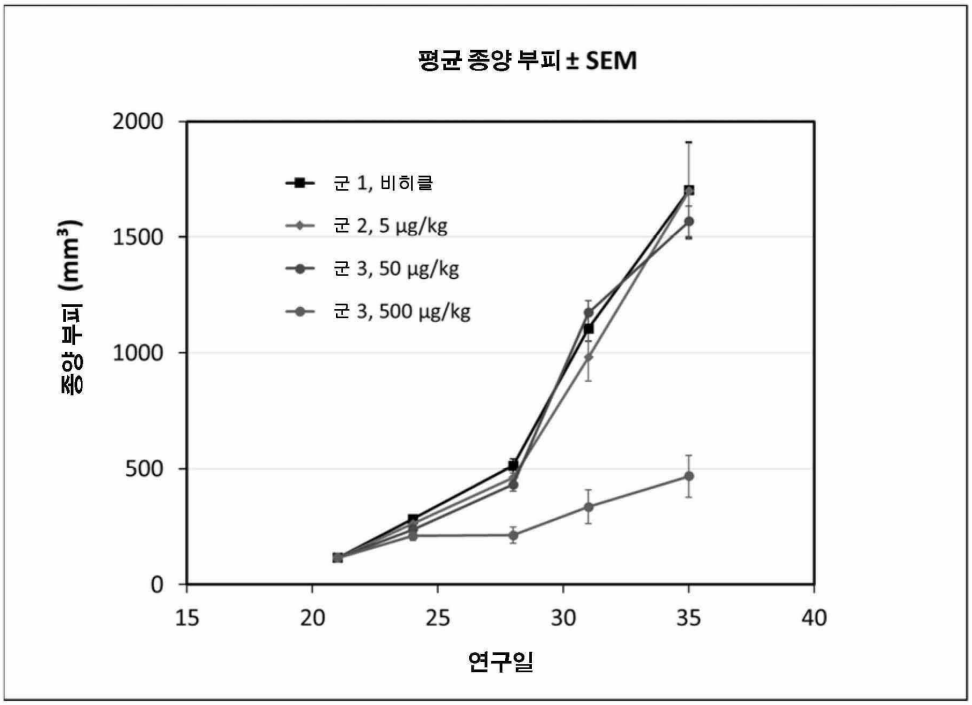
도면29


4
3
2
1
0
TNFα (ng/mL)
-14
-12
-10
-8
-6
TriTAC 로그 (M)
BCMA 삼중특이적 기증자 2
BCMA 삼중특이적 기증자 35
GFP 삼중특이적 기증자 2
GFP 삼중특이적 기증자 35

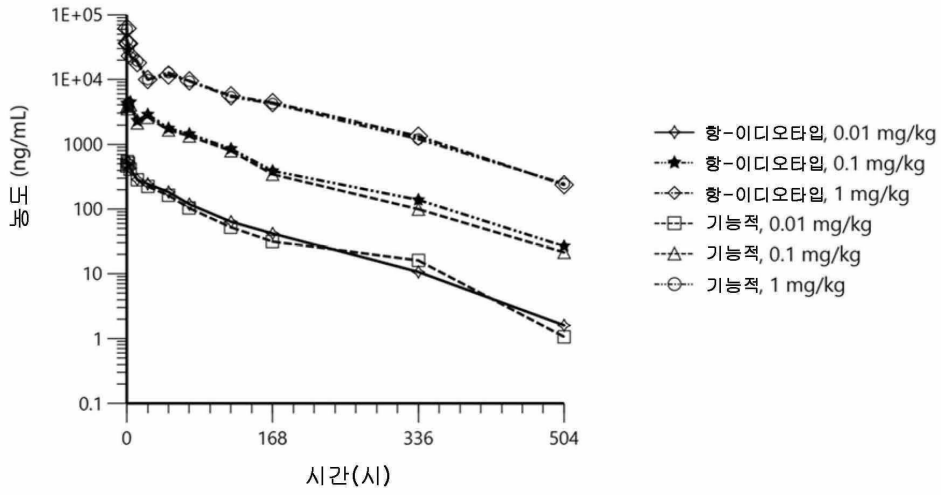
도면30


평균 종양 부피 ± SEM
종양 부피 (mm³)
1200
1000
800
600
400
200
0
0
5
10
15
20
25
연구일
군 1, 비히클
군 2, 5 μg/kg
군 3, 50 μg/kg
군 3, 500 μg/kg

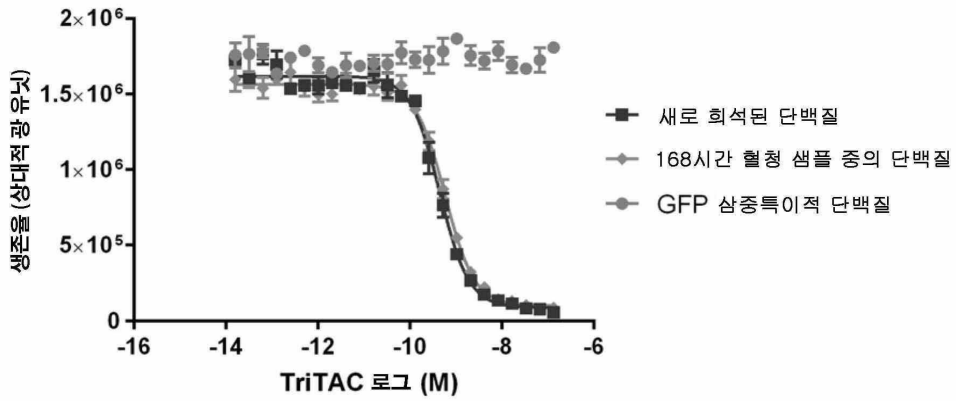
도면31


평균 종양 부피 ± SEM
종양 부피 (mm³)
2000
1500
1000
500
0
15
20
25
30
35
40
연구일
군 1, 비히클
군 2, 5 μg/kg
군 3, 50 μg/kg
군 3, 500 μg/kg

도면32



도면33



샘플	EC50 (M)
새로 희석된 단백질	4.4E-10
168시간 샘플로부터의 단백질	5.8E-10

서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> HARPOON THERAPEUTICS, INC.

<120> TRISPECIFIC PROTEINS AND METHODS OF USE

<130> 47517-723.601

<140><141><150> 62/572,381

<151> 2017-10-13

<160> 601

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><221> MOD_RES

<222> (1)..(1)

<223> Thr or Ser

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(2)

<223> Asn, Asp or Ser

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Ile, Asp, Gln, His, Val or Glu

<220><221> MOD_RES

<222> (4)..(4)

<223> Phe, Ser, Glu, Ala, Thr, Met, Val, Ile, Asp, Gln, Pro, Arg or Gly

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Ser, Met, Arg or Asn

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(6)

<223> Ile, Lys, Ser, Thr, Arg, Glu, Asp, Asn, Val, His, Leu, Ala, Gln or Gly

<220><221> MOD_RES

<222> (7)..(7)

<223> Ser, Thr, Tyr, Arg or Asn

<220><221> MOD_RES

<222> (9)..(9)

<223> Met, Gly or Tyr

<400> 1

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Gly

1 5 10

<210> 2

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> His, Asn or Ser

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Phe, Gly, Lys, Arg, Pro, Asp, Gln, His, Glu, Asn, Thr, Ser, Ala, Ile, Leu or Val

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(6)

<223> Ser, Gln, Glu, Thr, Lys or Asp

<220><221> MOD_RES

<222> (8)..(8)

<223> Leu, Val, Ile, Phe, Tyr or Trp

<400> 2

Ala Ile Xaa Gly Xaa Xaa Thr Xaa Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 3

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Asp, Ile, Thr, Lys, Arg, Ala, Glu, Ser or Tyr

<220><221> MOD_RES

<222> (9)..(9)

<223> Arg, Gly, Leu, Lys, Thr, Gln, Ser or Asn

<220><221> MOD_RES

<222> (10)..(10)

<223> Asn, Lys, Glu, Val, Arg, Met or Asp

<220><221> MOD_RES

<222> (12)..(12)

<223> Tyr, Ala, Val, Lys, His, Leu, Met, Thr, Arg, Gln, Cys,
Ser or Asn

<400> 3

Val Pro Trp Gly Xaa Tyr His Pro Xaa Xaa Val Xaa
1 5 10

<210> 4

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 4

Thr Asp Ile Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 5

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 5

Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 6

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 6

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser Pro Gly Gly

1 5 10

<210> 7

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 7

Thr Asn Ile Phe Met Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 8

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 8

Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 9

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 9

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Arg Pro Met Gly

1 5 10

<210> 10

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 10

Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 11

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 11

Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210

> 12

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 12

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr Pro Met Gly

1 5 10

<210> 13

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 13

Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 14

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 14

Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 15

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 15

Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 16

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 16

Thr Asn Asp Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 17

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 17

Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 18

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 18

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 19

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 19

Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 20

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 20

Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210

> 21

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 21

Ser Asn Ile Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 22

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 22

Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 23

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 23

Thr Asn Ile Val Ser Ile Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 24

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 24

Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 25

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 25

Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 26

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 26

Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 27

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 27

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 28

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 28

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Tyr Pro Met Gly

1 5 10

<210> 29

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 29

Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210

> 30

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 30

Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 31

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 31

Thr Asn Ile Val Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 32

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 32

Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 33

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 33

Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 34

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 34

Thr Asn Ile Phe Ser Asp Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 35

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 35

Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 36

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 36

Thr Asn Ile Phe Ser Ala Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 37

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 37

Thr Asn Ile Phe Ser Ala Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 38

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 38

Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210

> 39

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 39

Thr Asn Ile Ala Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 40

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 40

Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 41

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 41

Thr Asn Ile Phe Ser Leu Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 42

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 42

Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 43

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 43

Thr Asn Ile Phe Ser Gln Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 44

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 44

Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 45

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 45

Thr Asn Ile Phe Ser His Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 46

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 46

Thr Asn Ile Phe Ser Glu Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 47

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 47

Thr Asn Ile Asp Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210

> 48

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 48

Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 49

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 49

Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 50

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 50

Thr Asn Ile Thr Ser Val Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 51

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 51

Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 52

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 52

Ser Asn Ile Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 53

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 53

Thr Asn Ile Phe Arg Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 54

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 54

Thr Asn Ile Val Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 55

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 55

Thr Asn Ile Asp Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 56

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 56

Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210

> 57

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 57

Thr Asn Ile Gln Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 58

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 58

Thr Asn Ile Phe Asn Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 59

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 59

Thr Asn Glu Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 60

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 60

Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 61

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 61

Thr Asn Ile Gly Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 62

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 62

Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 63

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 63

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr Pro Met Gly

1 5 10

<210> 64

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 64

Thr Ser Asp Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 65

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 65

Thr Asn Ile Met Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210

> 66

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 66

Thr Asn Ile Met Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 67

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 67

Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 68

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 68

Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 69

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 69

Thr Asn Ile Phe Ser Gln Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 70

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 70

Thr Asn Ile Ala Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 71

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 71

Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 72

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 72

Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 73

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 73

Thr Asn His Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 74

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 74

Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210

> 75

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 75

Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 76

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 76

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser Pro Tyr Gly

1 5 10

<210> 77

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 77

Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 78

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 78

Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 79

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 79

Thr Asn Ile Val Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 80

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 80

Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 81

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 81

Thr Asn Ile Ile Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 82

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 82

Thr Asn Ile Ala Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 83

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 83

Thr Asn Ile Phe Ser Glu Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210

> 84

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 84

Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 85

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 85

Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 86

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 86

Thr Asn Val Val Ser Ile Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 87

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 87

Thr Asn Glu Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 88

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 88

Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 89

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 89

Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 90

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 90

Thr Asn Ile Phe Ser Asp Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 91

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 91

Thr Asn Asp Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 92

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 92

Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210

> 93

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 93

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Tyr Pro Met Gly

1 5 10

<210> 94

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 94

Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 95

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 95

Thr Asn Ile Phe Ser Val Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 96

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 96

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr Pro Met Gly
1 5 10

<210> 97

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 97

Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 98

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 98

Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 99

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 99

Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 100

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 100

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Asn Pro Met Gly

1 5 10

<210> 101

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 101

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr Pro Met Gly

1 5 10

<210> 102

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 102

Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 103

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 103

Thr Asn Ile Phe Ser Gly Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 104

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 104

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr Pro Met Gly

1 5 10

<210> 105

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 105

Thr Asn Ile Asp Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 106

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 106

Thr Asn Ile Phe Ser Asp Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 107

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 107

Thr Asn Ile Asp Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 108

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 108

Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 109

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 109

Thr Asn Ile Phe Ser Val Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 110

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 110

Thr Asn Gln Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 111

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 111

Thr Asn Ile Arg Ser Ile Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 112

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 112

Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser Pro Met Gly
1 5 10

<210> 113

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 113

Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 114

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 114

Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser Pro Tyr Gly

1 5 10

<210> 115

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 115

Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser Pro Gly Gly

1 5 10

<210> 116

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 116

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr Pro Tyr Gly

1 5 10

<210> 117

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 117

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr Pro Gly Gly

1 5 10

<210> 118

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 118

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

1 5 10

<210> 119

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 119

Ala Ile Asn Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 120

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 120

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

1 5 10

<210> 121

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 121

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

1 5 10

<210> 122

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 122

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

1 5 10

<210> 123

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 123

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

1 5 10

<210> 124

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 124

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

1 5 10

<210> 125

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 125

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

1 5 10

<210> 126

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 126

Ala Ile His Gly Arg Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 127

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 127

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

1 5 10

<210> 128

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 128

Ala Ile Ser Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 129

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 129

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

1 5 10

<210> 130

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 130

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

1 5 10

<210> 131

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 131

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

1 5 10

<210> 132

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 132

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

1 5 10

<210> 133

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 133

Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 134

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 134

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

1 5 10

<210> 135

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 135

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

1 5 10

<210> 136

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 136

Ala Ile His Gly Phe Gln Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 137

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 137

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

1 5 10

<210> 138

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 138

Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 139

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 139

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

1 5 10

<210> 140

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 140

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

1 5 10

<210> 141

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 141

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

1 5 10

<210> 142

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 142

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

1 5 10

<210> 143

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 143

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

1 5 10

<210> 144

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 144

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

1 5 10

<210> 145

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 145

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

1 5 10

<210> 146

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 146

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

1 5 10

<210> 147

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 147

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

1 5 10

<210> 148

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 148

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

1 5 10

<210> 149

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 149

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

1 5 10

<210> 150

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 150

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

1 5 10

<210> 151

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 151

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

1 5 10

<210> 152

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 152

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

1 5 10

<210> 153

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 153

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

1 5 10

<210> 154

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 154

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

1 5 10

<210> 155

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 155

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

1 5 10

<210> 156

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 156

Ala Ile His Gly Gln Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 157

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 157

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

1 5 10

<210> 158

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 158

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

1 5 10

<210> 159

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 159

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

1 5 10

<210> 160

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 160

Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 161

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 161

Ala Ile His Gly Phe Gln Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 162

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 162

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

1 5 10

<210> 163

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 163

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

1 5 10

<210> 164

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 164

Ala Ile His Gly Pro Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 165

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 165

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

1 5 10

<210> 166

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 166

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

1 5 10

<210> 167

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 167

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

1 5 10

<210> 168

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 168

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

1 5 10

<210> 169

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 169

Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 170

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 170

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

1 5 10

<210> 171

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 171

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

1 5 10

<210> 172

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 172

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

1 5 10

<210> 173

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 173

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

1 5 10

<210> 174

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 174

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

1 5 10

<210> 175

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 175

Ala Ile His Gly Gln Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 176

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 176

Ala Ile His Gly Gln Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10

<210> 177

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 177

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

1 5 10

<210> 178

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 178

Ala Ile His Gly Phe Glu Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10

<210> 179

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 179

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

1 5 10

<210> 180

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 180

Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 181

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 181

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

1 5 10

<210> 182

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 182

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

1 5 10

<210> 183

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 183

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

1 5 10

<210> 184

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 184

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

1 5 10

<210> 185

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 185

Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 186

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 186

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

1 5 10

<210> 187

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 187

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

1 5 10

<210> 188

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 188

Ala Ile His Gly Arg Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 189

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 189

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

1 5 10

<210> 190

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 190

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

1 5 10

<210> 191

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 191

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

1 5 10

<210> 192

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 192

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

1 5 10

<210> 193

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 193

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

1 5 10

<210> 194

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 194

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

1 5 10

<210> 195

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 195

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

1 5 10

<210> 196

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 196

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

1 5 10

<210> 197

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 197

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

1 5 10

<210> 198

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 198

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

1 5 10

<210> 199

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 199

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

1 5 10

<210> 200

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 200

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

1 5 10

<210> 201

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 201

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

1 5 10

<210> 202

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 202

Ala Ile His Gly Pro Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 203

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 203

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

1 5 10

<210> 204

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 204

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

1 5 10

<210> 205

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 205

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

1 5 10

<210> 206

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 206

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

1 5 10

<210> 207

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 207

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

1 5 10

<210> 208

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 208

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

1 5 10

<210> 209

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 209

Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 210

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 210

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

1 5 10

<210> 211

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 211

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

1 5 10

<210> 212

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 212

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

1 5 10

<210> 213

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 213

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

1 5 10

<210> 214

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 214

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

1 5 10

<210> 215

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 215

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

1 5 10

<210> 216

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 216

Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 217

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 217

Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 218

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 218

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

1 5 10

<210> 219

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 219

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

1 5 10

<210> 220

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 220

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

1 5 10

<210> 221

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 221

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

1 5 10

<210> 222

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 222

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

1 5 10

<210> 223

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 223

Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10

<210> 224

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 224

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

1 5 10

<210> 225

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 225

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

1 5 10

<210> 226

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 226

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

1 5 10

<210> 227

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 227

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

1 5 10

<210> 228

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 228

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

1 5 10

<210> 229

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 229

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

1 5 10

<210> 230

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 230

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

1 5 10

<210> 231

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 231

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

1 5 10

<210> 232

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 232

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala

1 5 10

<210> 233

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 233

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val His

1 5 10

<210> 234

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 234

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 235

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 235

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 236

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 236

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 237

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 237

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 238

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 238

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 239

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 239

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Lys Val Tyr

1 5 10

<210> 240

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 240

Val Pro Trp Gly Ser Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 241

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 241

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala

1 5 10

<210> 242

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 242

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 243

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 243

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Val

1 5 10

<210> 244

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 244

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Lys

1 5 10

<210> 245

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 245

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 246

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 246

Val Pro Trp Gly Glu Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 247

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 247

Val Pro Trp Gly Ile Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 248

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 248

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 249

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 249

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 250

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 250

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Val

1 5 10

<210> 251

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 251

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 252

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 252

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 253

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 253

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 254

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 254

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 255

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 255

Val Pro Trp Gly Lys Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 256

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 256

Val Pro Trp Gly Ser Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 257

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 257

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val His

1 5 10

<210> 258

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 258

Val Pro Trp Gly Tyr Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 259

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 259

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 260

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 260

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Arg

1 5 10

<210> 261

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 261

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Gln

1 5 10

<210> 262

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 262

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 263

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 263

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr

1 5 10

<210> 264

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 264

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Asn

1 5 10

<210> 265

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 265

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 266

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 266

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 267

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 267

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 268

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 268

Val Pro Trp Gly Lys Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 269

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 269

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 270

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 270

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Gln

1 5 10

<210> 271

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 271

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Cys

1 5 10

<210> 272

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 272

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Arg Val Tyr
1 5 10

<210> 273

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 273

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 274

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 274

Val Pro Trp Gly Thr Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 275

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 275

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 276

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 276

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 277

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 277

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 278

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 278

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Thr Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 279

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 279

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 280

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 280

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr

1 5 10

<210> 281

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 281

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 282

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 282

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Arg Val Tyr

1 5 10

<210> 283

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 283

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Met Val Tyr
1 5 10

<210> 284

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 284

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Leu
1 5 10

<210> 285

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 285

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 286

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 286

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 287

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 287

Val Pro Trp Gly Ala Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 288

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 288

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala

1 5 10

<210> 289

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 289

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gln Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 290

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 290

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr

1 5 10

<210> 291

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 291

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 292

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 292

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 293

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 293

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 294

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 294

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 295

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 295

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 296

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 296

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 297

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 297

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Ser Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 298

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 298

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 299

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 299

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Glu Val Tyr

1 5 10

<210> 300

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 300

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 301

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 301

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Val Val Tyr

1 5 10

<210> 302

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 302

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Met

1 5 10

<210> 303

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 303

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Leu Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 304

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 304

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 305

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 305

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 306

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 306

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr

1 5 10

<210> 307

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 307

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ser

1 5 10

<210> 308

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 308

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 309

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 309

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 310

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 310

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 311

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 311

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr

1 5 10

<210> 312

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 312

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 313

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 313

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 314

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 314

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Asn Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 315

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 315

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 316

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 316

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr
1 5 10

<210> 317

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 317

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 318

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 318

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 319

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 319

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala
1 5 10

<210> 320

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 320

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 321

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 321

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Lys Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 322

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 322

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 323

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 323

Val Pro Trp Gly Lys Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 324

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 324

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 325

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 325

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 326

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 326

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Gln

1 5 10

<210> 327

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 327

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 328

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 328

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ser
1 5 10

<210> 329

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 329

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 330

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 330

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 331

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 331

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 332

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 332

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asp Val Tyr
1 5 10

<210> 333

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 333

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr
1 5 10

<210> 334

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 334

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala

1 5 10

<210> 335

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 335

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr

1 5 10

<210> 336

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 336

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 337

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 337

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 338

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 338

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Val

1 5 10

<210> 339

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 339

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Val

1 5 10

<210> 340

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 340

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 341

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 341

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 342

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 342

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 343

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 343

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 344

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 344

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr
1 5 10

<210> 345

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 345

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr

1 5 10

<210> 346

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 346

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 347

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 347

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asp Ile Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Gly Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 348
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 348
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Asp Phe Ser Ile Ser

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

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 349

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 349

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 350

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 350

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Asp Phe Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Lys Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 351

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 351

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Gln Phe Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 352

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 352

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile Asn Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val His Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 353
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 353

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 354
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 354

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Gln Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 355
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 355
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Glu Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Leu Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 356

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 356

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Glu Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 357

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 357

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asp Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 358

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 358

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Gly Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val His Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 359
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 359
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Arg Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Met Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 360

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 360

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Pro Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 361

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 361

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Arg Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 362

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 362

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly

100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 363
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 363
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Gln Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 364

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 364

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly His Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 365

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 365

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Lys Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 366

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 366

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Ile Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 367
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 367
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Glu Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Thr Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 368
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 368

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Val Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Lys Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 369

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 369

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Val Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 370

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 370

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Glu Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 371

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 371

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asp Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Thr Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 372

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 372

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Lys Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 373

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 373

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser His Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 374
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 374
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Thr Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 375
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 375

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Thr Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Gln Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 376

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 376

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Leu Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 377
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 377

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Gly Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 378

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 378

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn His Phe Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Val Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 379

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 379

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ala Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Asn Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 380

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 380

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ala Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 381

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 381

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 382

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 382

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 383

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 383

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Tyr Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 384

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 384

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ala Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 385
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 385
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ala Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Lys Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 386
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 386

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ala Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 387
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 387
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 388

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 388

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Met Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 389

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 389

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 390

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 390

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Val Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly His Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 391
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 391
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Val Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Lys Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 392

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 392

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Val Val Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Asn Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 393

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 393

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ile Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ala Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 394

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 394

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Ala Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 395
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 395
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Glu Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 396

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 396

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Gln Ser Ile Ser

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

85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 397

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 397

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Ser Asp Phe Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 398

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 398

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Asp Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Gln Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 399
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 399
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Met Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Val Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 400
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 400

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 401

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 401

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Lys Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Arg Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 402

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 402

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 403

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 403

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 404

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 404

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 405

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 405

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Leu Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 406
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 406
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Val Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 407
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 407

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asp Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 408

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 408

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Gln Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Cys Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 409
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 409

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Gln Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Lys Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Ser Asn Val Tyr Trp Gly Lys Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 410

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 410

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 411

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 411

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 412

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 412

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 413

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 413

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Gly Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 414

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 414

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Ser Asn Ile Phe Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 415

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 415

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Tyr

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Lys Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 416

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 416

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 417
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 417
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 418
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 418

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Glu Phe Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Leu Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Ala Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 419
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 419
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Glu Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Glu Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 420

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 420

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 421

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 421

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ala Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 422

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 422

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Glu Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 423
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 423
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 424

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 424

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Gln Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 425

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 425

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Gln Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Gln Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 426

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 426

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Val Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ser Trp Gly Gln Gly

100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 427
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 427
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Ser Asn Ile Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Glu Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 428

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 428

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Asp Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Glu Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 429

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 429

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Asp Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 430

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 430

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Arg Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 431
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 431
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile Ser Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Glu
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 432
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 432

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Glu Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 433

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 433

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Val Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Pro Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Thr Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 434

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 434

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Gly Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Gln Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gln Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 435

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 435

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Lys Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Arg Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 436

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 436

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Val Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Arg Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 437

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 437

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Asp Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Met Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 438
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 438
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Met Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 439
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 439

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Arg Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 440

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 440

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Glu Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 441
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 441

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Lys Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 442

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 442

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 443

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 443

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 444

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 444

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Tyr Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 445

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 445

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 446

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 446

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 447

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 447

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Arg

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 448

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 448

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Tyr

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Ser Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 449
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 449
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Asn Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 450
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 450

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Trp Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 451
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 451
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 452

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 452

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Asn

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ser Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 453

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 453

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Arg Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Ser Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 454

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 454

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Thr Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 455

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 455

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Glu Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 456

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 456

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asp Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 457

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 457

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser
20 25 30
Pro Tyr Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Ile Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 458

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 458

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser
20 25 30
Pro Gly Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Ile Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 459
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 459
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr
20 25 30

Pro Tyr Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Ala Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115
<210> 460

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 460

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr
20 25 30

Pro Gly Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ala Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 461

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 461

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser

20 25

<210> 462

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 462

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Val Ala Ser

20 25

<210> 463

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 463

Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val Ala

1 5 10

<210> 464

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 464

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu

1 5 10 15

Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn

20 25 30

Lys

<210> 465

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 465

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu

1 5 10 15

Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn

20 25 30

Glu

<210> 466

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 466

Trp Gly Gln Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

1 5 10

<210> 467

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 467

Trp Gly Lys Gly Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

1 5 10

<210> 468

<211> 184

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 468

Met Leu Gln Met Ala Gly Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15

Leu Leu His Ala Cys Ile Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Asn Thr

20 25 30

Pro Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Val Thr Asn Ser

35 40 45

Val Lys Gly Thr Asn Ala Ile Leu Trp Thr Cys Leu Gly Leu Ser Leu

50 55 60

Ile Ile Ser Leu Ala Val Phe Val Leu Met Phe Leu Leu Arg Lys Ile

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

Ile Ile Leu Pro Arg Gly Leu Glu Tyr Thr Val Glu Glu Cys Thr Cys

115 120 125

Glu Asp Cys Ile Lys Ser Lys Pro Lys Val Asp Ser Asp His Cys Phe

130 135 140

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

145 150 155 160

Thr Asn Asp Tyr Cys Lys Ser Leu Pro Ala Ala Leu Ser Ala Thr Glu

165 170 175

Ile Glu Lys Ser Ile Ser Ala Arg

180

<210> 469

<211> 185

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 469

Met Ala Gln Gln Cys Phe His Ser Glu Tyr Phe Asp Ser Leu Leu His

1 5 10 15

Ala Cys Lys Pro Cys His Leu Arg Cys Ser Asn Pro Pro Ala Thr Cys

20 25 30

Gln Pro Tyr Cys Asp Pro Ser Val Thr Ser Ser Val Lys Gly Thr Tyr

35 40 45

Thr Val Leu Trp Ile Phe Leu Gly Leu Thr Leu Val Leu Ser Leu Ala

50 55 60

Leu Phe Thr Ile Ser Phe Leu Leu Arg Lys Met Asn Pro Glu Ala Leu

65 70 75 80

Lys Asp Glu Pro Gln Ser Pro Gly Gln Leu Asp Gly Ser Ala Gln Leu

85 90 95

Asp Lys Ala Asp Thr Glu Leu Thr Arg Ile Arg Ala Gly Asp Asp Arg

100 105 110

Ile Phe Pro Arg Ser Leu Glu Tyr Thr Val Glu Glu Cys Thr Cys Glu

115 120 125

Asp Cys Val Lys Ser Lys Pro Lys Gly Asp Ser Asp His Phe Phe Pro

130 135 140

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

145 150 155 160

Gly Asp Tyr Gly Lys Ser Ser Val Pro Thr Ala Leu Gln Ser Val Met

165 170 175

Gly Met Glu Lys Pro Thr His Thr Arg

180 185

<210> 470

<211> 183

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 470

Met Leu Gln Met Ala Arg Gln Cys Ser Gln Asn Glu Tyr Phe Asp Ser

1 5 10 15

Leu Leu His Asp Cys Lys Pro Cys Gln Leu Arg Cys Ser Ser Thr Pro
20 25 30
Pro Leu Thr Cys Gln Arg Tyr Cys Asn Ala Ser Met Thr Asn Ser Val
35 40 45
Lys Gly Met Asn Ala Ile Leu Trp Thr Cys Leu Gly Leu Ser Leu Ile
50 55 60
Ile Ser Leu Ala Val Phe Val Leu Thr Phe Leu Leu Arg Lys Met Ser

65 70 75 80
Ser Glu Pro Leu Lys Asp Glu Phe Lys Asn Thr Gly Ser Gly Leu Leu
85 90 95
Gly Met Ala Asn Ile Asp Leu Glu Lys Gly Arg Thr Gly Asp Glu Ile
100 105 110
Val Leu Pro Arg Gly Leu Glu Tyr Thr Val Glu Glu Cys Thr Cys Glu
115 120 125
Asp Cys Ile Lys Asn Lys Pro Lys Val Asp Ser Asp His Cys Phe Pro

130 135 140
Leu Pro Ala Met Glu Glu Gly Ala Thr Ile Leu Val Thr Thr Lys Thr
145 150 155 160
Asn Asp Tyr Cys Asn Ser Leu Ser Ala Ala Leu Ser Val Thr Glu Ile
165 170 175
Glu Lys Ser Ile Ser Ala Arg
180

<210> 471
<211> 6
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

6xHis tag
<400> 471
His His His His His His
1 5
<210> 472

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(20)

<223> This sequence may encompass 1-10 'Gly Ser' repeating units

<400> 472

Gly Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ser
1 5 10 15
Gly Ser Gly Ser
20

<210> 473

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(30)

<223> This sequence may encompass 1-10 'Gly Gly Ser' repeating units

<400> 473

Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15
Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser
20 25 30

<210> 474

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(40)
<223> This sequence may encompass 1-10 'Gly Gly Gly Ser'
repeating units
<400> 474
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
1 5 10 15
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
20 25 30

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
35 40
<210> 475
<211> 40
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(40)
<223> This sequence may encompass 1-10 'Gly Gly Ser Gly'
repeating units
<400> 475
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly

20 25 30
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly
35 40
<210> 476
<211> 50
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(50)

<223> This sequence may encompass 1-10 'Gly Gly Ser Gly Gly'
repeating units

<400> 476

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
1 5 10 15

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
20 25 30

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
35 40 45

Gly Gly
50

<210> 477

<211> 50

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(50)

<223> This sequence may encompass 1-10 'Gly Gly Gly Gly Ser'

repeating units

<400> 477

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
20 25 30

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
35 40 45

Gly Ser

50

<210> 478

<211> 50

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(50)

<223> This sequence may encompass 1-10 'Gly Gly Gly Gly Gly' repeating units

<400> 478

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

20 25 30

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

35 40 45

Gly Gly

50

<210> 479

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(30)

<223> This sequence may encompass 1-10 'Gly Gly Gly' repeating units

<400> 479

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

1 5 10 15

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

20 25 30

<210> 480

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 480

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser

20

<210> 481

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 481

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10 15

<210> 482

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 482

Leu Pro Glu Thr Gly

1 5

<210> 483

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 483

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro

385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 484

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 484

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asp Ile Phe Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Gly Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
    130                 135                 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145                 150                 155                 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
                165                 170                 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
            180                 185                 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
        195                 200                 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
    210                 215                 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225                 230                 235                 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
                245                 250                 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
            260                 265                 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
        275                 280                 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
    290                 295                 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305                 310                 315                 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
                325                 330                 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
            340                 345                 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
        355                 360                 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
```

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 485

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 485

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Asp Phe Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala Trp Gly Gln Gly
100 105 110

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

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

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 486
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 486

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Lys Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

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

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

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 487

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 487

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Asp Phe Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Lys Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

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

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 488

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 488

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Gln Phe Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro

385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 489

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 489

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile Asn Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val His Trp Gly Gln Gly
100 105 110

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

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

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 490
<211> 507
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 490

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

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

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

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

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 491
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 491
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

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

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

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

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

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

385 390 395 400

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 492
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 492

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Glu Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Leu Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 493
<211> 507

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 493
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Glu Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 494

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 494

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asp Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

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

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

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

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 495

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 495

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val His Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

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

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

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 496

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 496

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Arg Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Met Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 497

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 497

```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser
            20                  25                  30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
        35                  40                  45

Ala Ala Ile His Gly Pro Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
    50                  55                  60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65                  70                  75                  80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
                85                  90                  95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly
            100                 105                 110

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

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

225 230 235 240

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 498

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 498

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Arg Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

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

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

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 499
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 499
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

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

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 500

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 500

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Gln Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 501

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 501

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly His Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro

385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 502

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 502

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Glu Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Lys Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 503
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 503
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

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

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

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

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 504
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 504

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Glu Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Thr Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

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

245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 505

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 505

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Val Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Lys Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

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

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 506
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 506
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Val Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 507

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 507

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Glu Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

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

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 508
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 508

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asp Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Thr Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 509

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 509

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Lys Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

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

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 510

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 510

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser His Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

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

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

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

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

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 511
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 511
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

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

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

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

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 512

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 512

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Thr Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Gln Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 513

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 513

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Leu Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 514
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 514
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Gly Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

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

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

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

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 515
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 515

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn His Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Val Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

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

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

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 516

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 516

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ala Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Asn Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

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

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 517

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 517

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ala Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

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

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

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 518
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 518
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser
20 25 30

```
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile His Gly Thr Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
    50                  55                  60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65                  70                  75                  80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
                85                  90                  95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
            100                 105                 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
        115                 120                 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
    130                 135                 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145                 150                 155                 160

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

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225                 230                 235                 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
                245                 250                 255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
            260                 265                 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
```

275 280 285

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

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

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 519

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 519

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Thr Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 520
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 520

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Tyr Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Thr Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

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

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 521
<211> 507

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 521
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ala Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Thr Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 522
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 522
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ala Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

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

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

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 523

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 523

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ala Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

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

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 524

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 524

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 525

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 525

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Met Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

```
Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
    50                  55                  60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65                  70                  75                  80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
                85                  90                  95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
            100                 105                 110

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

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

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
                245                 250                 255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
            260                 265                 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
        275                 280                 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
```

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 526

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 526

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

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

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

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

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 527

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 527

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

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

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

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro

385 390 395 400

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 528
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 528

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Val Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Lys Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 529

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 529

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Val Val Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Asn Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 530

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 530

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ile Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ala Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

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

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

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

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 531

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 531

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ala Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

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

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

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 532
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 532

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Glu Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

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

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 533

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 533

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Gln Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Glu Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 534

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 534

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Ser Asp Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Glu Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro

385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 535

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 535

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Asp Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Gln Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 536
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 536

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Met Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 537

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 537

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 538

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 538

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Arg Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

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

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

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 539

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 539

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ser Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

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

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 540
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 540

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asn Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 541

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 541

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Ile Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

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

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 542

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 542

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Leu Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

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

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

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro

385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 543

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 543

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Val Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

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

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

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

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro

385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 544

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 544

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Asp Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

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

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 545

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 545

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Gln Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Cys Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

165 170 175

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

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 546

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 546

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Gln Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Lys Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Ser Asn Val Tyr Trp Gly Lys Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

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

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

340 345 350

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

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 547
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 547
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser

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

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

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

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

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 548

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 548

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Ile Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

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

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 549

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 549

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Arg Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

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

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro

385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 550

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 550

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Gly Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

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

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro

385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 551

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 551

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

1 5 10 15

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

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

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

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

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

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

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

500 505

<210> 552

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 552

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Tyr
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Lys Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

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

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 553
<211> 507

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 553
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

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

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

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

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

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 554
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 554
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Lys Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

```
        35                  40                  45
Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
    50                  55                  60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65                  70                  75                  80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
                85                  90                  95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
            100                 105                 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
        115                 120                 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
    130                 135                 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145                 150                 155                 160

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

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

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

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

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 555
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 555

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Glu Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Leu Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Ala Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

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

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 556

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 556

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Glu Phe Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 557

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 557

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala Trp Gly Gln Gly
100 105 110

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

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

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

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

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro

385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 558

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 558

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Ala Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ala Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

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

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

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 559

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 559

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Glu Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

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

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 560
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 560

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 561

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 561

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Gln Trp Gly Gln Gly
100 105 110

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

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

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 562
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 562

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Pro Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Gln Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Gln Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

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

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

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 563

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 563

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Val Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ser Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

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

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 564

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 564

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Ser Asn Ile Phe Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro

385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 565

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 565

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Asp Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Glu Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

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

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

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 566
<211> 507
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 566

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Asp Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Thr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

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

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

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

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 567
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 567
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

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

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

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

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

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

385 390 395 400

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 568
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 568

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile Ser Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Glu

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 569
<211> 507

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 569
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 570

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 570

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Thr Ser Val Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Pro Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Thr Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

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

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

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

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 571

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 571

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Gly Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Gln Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gln Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

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

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

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 572

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 572

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Arg Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 573

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 573

```
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1               5                  10                  15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Val Ser Ile Ser
            20                  25                  30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
        35                  40                  45

Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
    50                  55                  60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65                  70                  75                  80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
                85                  90                  95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Arg Val Tyr Trp Gly Gln Gly
            100                 105                 110

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

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

225 230 235 240

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 574

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 574

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Asp Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Met Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

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

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

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 575
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 575
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

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

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 576

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 576

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Arg Ile Ser

```
            20                  25                  30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
        35                  40                  45
Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
    50                  55                  60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65                  70                  75                  80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
                85                  90                  95
Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
            100                 105                 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
        115                 120                 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
    130                 135                 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145                 150                 155                 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
                165                 170                 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
            180                 185                 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
        195                 200                 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
    210                 215                 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225                 230                 235                 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
                245                 250                 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
            260                 265                 270
```

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 577

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 577

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Glu Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro

385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 578

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 578

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asp Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Lys Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 579
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 579
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Ser Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 580
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 580

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Glu Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Asn Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

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

245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 581

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 581

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Tyr Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

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

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 582
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 582
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly His Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 583

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 583

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

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

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 584
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 584

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Arg
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Val Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 585

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 585

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Tyr

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Ser Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

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

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser

405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 586

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 586

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Asn Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

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

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

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

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

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 587
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 587
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

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

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

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

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

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

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 588

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 588

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Ser Ser Ile Ser
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175
Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 589

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 589

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Asn
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Ser Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln

325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg

340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly

355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 590
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 590
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Arg Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Ser Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

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

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

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

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 591
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 591

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr
20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Thr Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255
Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

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

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

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

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 592

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 592

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr
20 25 30
Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Glu Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Arg Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

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

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln

420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu

435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr

485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His

500 505

<210> 593

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 593

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

1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asp Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

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

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

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

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 594
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 594
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser
20 25 30

Pro Tyr Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Ile Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

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

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

275 280 285

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

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

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

Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 595

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 595

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Thr Ser
20 25 30

Pro Gly Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Phe Ser Thr Ile Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn
130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe
145 150 155 160

Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val
180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285

Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335

Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350

His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400

Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415

Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys

450 455 460

Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 596
<211> 507
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 596

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr
20 25 30
Pro Tyr Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45
Ala Ala Ile His Gly Ala Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln
65 70 75 80
Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys
85 90 95
Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

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

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr
195 200 205
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr
225 230 235 240
Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu
245 250 255

Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu
260 265 270
Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp
275 280 285
Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg
290 295 300
Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp
305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430
Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445

Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495
Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 597
<211> 507

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 597
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Thr Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Thr
20 25 30
Pro Gly Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val
35 40 45

Ala Ala Ile His Gly Ala Ser Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly
50 55 60
Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Gly Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Asn

130 135 140

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Lys Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Ser Ser Ile Ser Gly Ser Gly Arg Asp Thr Leu Tyr Ala Asp Ser Val

180 185 190

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Thr Thr Leu Tyr

195 200 205

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Thr Ile Gly Gly Ser Leu Ser Val Ser Ser Gln Gly Thr Leu Val Thr

225 230 235 240

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu

245 250 255

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

260 265 270

Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Ile Asn Trp

275 280 285

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

290 295 300

Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Gln Val Lys Asp

305 310 315 320

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln
325 330 335
Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg
340 345 350
His Ala Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro
385 390 395 400
Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser
405 410 415
Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln
420 425 430

Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu
435 440 445
Val Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys
450 455 460
Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr
465 470 475 480
Tyr Cys Thr Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr
485 490 495

Lys Leu Thr Val Leu His His His His His His
500 505

<210> 598
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 598
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser

20 25 30

Pro Met Gly Trp Tyr Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Val

35 40 45

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

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Ile Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Lys Pro Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Asn Lys

85 90 95

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Gln Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 599

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 599

Thr Asn Ile Phe Ser Ile Ser Pro Met Gly

1 5 10

<210> 600

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 600

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

1 5 10

<210> 601

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 601

Val Pro Trp Gly Asp Tyr His Pro Arg Asn Val Tyr

1 5 10