



NORGE

(12) PATENT

(19) NO

(51) Int Cl⁷

(11) 319686

C 07 K 14/705, 16/28 , C 12 N 15/12

(13) B1

Patentstyret

(21)	Søknadsnr	19960767	(86)	Int.inng.dag og søknadsnr	1995.06.26 PCT/US95/08071
(22)	Inng.dag	1996.02.26	(85)	Videreføringsdag	1996.02.26
(24)	Løpedag	1995.06.26	(30)	Prioritet	1994.06.27, US, 268161
(41)	Alm.tilgj	1996.04.26			
(45)	Meddelt	2005.09.05			
(73)	Innehaver	Doheny Eye Institute , 1450 San Pablo Street, Los Angeles, CA 90033, US			
(72)	Oppfinner	Shintaro Suzuki, Torrance, CA, US			
(74)	Fullmektig	Tandbergs Patentkontor AS , Postboks 7085 Majorstua, 0306 OSLO, NO			
(54)	Betegnelse	Renset og isolert polynukleotidsekvens, biologisk funksjonell DNA-vektor, vertscelle, fremgangsmåte for fremstilling av et protocadherinpolypeptid, antistoffmateriale, hybridomcellelinje, anvendelse av protocadherin-PC3-fragment terapeutisk, en terapeutisk intervensjon samt antistoffmateriale eller protocadherin-PC3-fragment ifølge oppfinnelsen for anvendelse i en terapeutisk fremgangsmåte.			
(56)	Anførte publikasjoner	Sano K. Et al., EMBO J. Vol 12, side 2249-2256			
(57)	Sammendrag				

Polynukleotidsekvenser som koder for cadherinlignende polypeptider, betegnet protocadheriner, og varianter derav, samt fremgangsmåter og materialer for rekombinant produksjon av disse. Antistoffmaterialer spesifikke for protocadheriner og anvendelige for modulering av de naturlige bindings- og/eller regulatoriske aktiviteter av protocadherinene, er også beskrevet.

Oppfinnelsens område

Foreliggende oppfinnelse angår rensset og isolert polynukleotidsekvens, boiologisk funksjonell DNA-vektor, vertscelle, fremgangsmåte for fremstilling av et protocadherinpolypeptid, antistoffmateriale, hybridomcellelinje, anvendelse av protocadherinantistoffmaterialet eller et protocadherin-PC3-fragment terapeutisk, en terapeutisk intervensjon samt antistoffmateriale eller protocadherin-PC3-fragment ifølge oppfinnelsen for anvendelse i en terapeutisk fremgangsmåte. Nærmere bestemt angår oppfinnelsen nye adhesjonsproteiner, betegnet protocadheriner, og polynukleotidsekvenser som koder for protocadherinene.

Bakgrunn

In vivo spiller intercellulær adhesjon en viktig rolle på en rekke områder, inkludert morfogenese og organdannelse, leukocyttekstravasasjon, tumormetastase og invasjon og dannelsen av celleforbindelser. Celle-celleadhesjon er dessuten avgjørende for opprettholdelse av vevsintegritet.

Intercellulær adhesjon formidles av spesifikke celleoverflateadhesjonsmolekyler. Celleadhesjonsmolekyler er blitt klassifisert i minst fire familier, inkludert immunoglobulinsuperfamilien, integrinsuperfamilien, selektinfamilien og cadherinsuperfamilien. Alle celletyper som danner faste vev, uttrykker noen medlemmer av cadherinsuperfamilien, hvilket tyder på at cadheriner er involvert i selektiv adhesjon av de fleste celletyper.

Cadheriner er generelt beskrevet som glykosylerte, komplette membranproteiner inneholdende et N-terminalt, ekstracellulært domene (de N-terminale 113 aminosyrer i domenet synes å være direkte involvert i binding) bestående av fem underdomener som er kjennetegnet ved sekvenser unike for cadheriner, et hydrofobt, membranospennende domene og et C-terminalt, cytoplasmatisk domene som reagerer med celleskjelettet gjennom kateniner og andre celleskjelettassosierte proteiner. Noen cadheriner mangler imidlertid et cytoplasmatisk domene og synes å virke i celle-celleadhesjon ved en annen mekanisme enn cadheriner som inneholder et cytoplasmatisk

domene. Det cytoplasmatiske domene er nødvendig for den adhesiv funksjon av det ekstracellulære domene i cadheriner som inneholder et cytoplasmisk domene. Binding mellom to medlemmer av cadherinfamilien uttrykt på forskjellige celler, er homofil (dvs. at et medlem av cadherinfamilien bindes til cadheriner av dets egen eller en nært beslektet underklasse) og Ca^{2+} -avhengig. For nylige oversikter over cadheriner, se Takeichi, Annu. Rev. Biochem., 59:237-252 (1990) og Takeichi, Science, 251:1451-1455 (1991).

- 10 De første cadheriner som ble beskrevet (E-cadherin i museepitelceller, L-CAM i fuglelever, uvomorulin i museblastocysten og CAM 120/80 i humane epitelceller), ble identifisert ved deres medvirkning i Ca^{2+} -avhengig celleadhesjon og deres unike, immunologiske karakteristika og vevslokalisering.
- 15 Med den senere immunologiske identifisering av N-cadherin som ble funnet å ha en annerledes vevsfordeling enn E-cadherin, viste det seg at en ny familie av Ca^{2+} -avhengige celle-celleadhesjonsmolekyler var oppdaget.

- Den molekylære kloning av genene som koder for E-cadherin [se Nagafuchi et al., Nature, 329:341-343 (1987)], N-cadherin [Hatta et al., J. Cell. Biol. 106:873-881 (1988)] og P-cadherin [Nose et al., EMBO J., 6:3655-3661 (1987)], tilveiebrakte strukturelt bevis for at cadherinene omfattet en familie av celleadhesjonsmolekyler. Kloning av L-CAM [Gallin et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84:2808-2812 (1987)] og uvomorulin [Ringwald et al., EMBO J., 6:3647-3653 (1986)] avslørte at de var identiske med E-cadherin. Sammenligninger mellom aminosyresekvensene av E-, N- og P-cadheriner viste et nivå av aminosyrelikhet på ca. 45-58% blant de tre under-
- 25 klasser. Liaw et al., EMBO J., 9:2701-2708 (1990) beskriver anvendelse av PCR med degenererte oligonukleotider basert på konserverte områder av E-, N- og P-cadherinene for å amplifisere N- og P-cadherin fra et bovint, mikrovaskulært endotelcelle-cDNA.

- 35 Isoleringen ved hjelp av PCR av åtte ytterligere cadheriner ble rapportert i Suzuki et al., Cell Regulation, 2:261-270 (1991). Senere ble flere andre cadheriner beskrevet, inkludert R-cadherin [Inuzuka et al., Neuron, 7:69-79 (1991)],

M-cadherin [Donalies, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88:8024-8028 (1991)], B-cadherin [Napolitano, J. Cell. Biol., 113:893-905 (1991)] og T-cadherin [Ranscht, Neuron, 7:391-402 (1991)].

Proteiner fjernt beslektet med cadheriner, slik som
 5 desmoglein [Goodwin et al., Biochem. Biophys. Res. Commun., 173:1224-1230 (1990) og Koch et al., Eur. J. Cell Biol., 53:1-12 (1990)] og desmocolliner [Holton et al., J. Cell Science, 97:239-246 (1990)], er dessuten beskrevet. De ekstracellulære domener av disse molekyler er strukturelt beslektet med de
 10 ekstracellulære domener av typiske cadheriner, men hver av disse har et unikt, cytoplasmatisk domene. Mahoney et al., Cell, 67:853-868 (1991) beskriver et tumorsuppresjonsgen fra *Drosophila*, betegnet *fat*, som også koder for et cadherinbeslektet protein. *Fat*-tumorsuppressoren omfatter 34 cadherinlignende subdomener etterfulgt av fire EGF-lignende gjentakelser, et transmembrandomene og et nytt, cytoplasmatisk domene. Identifiseringen av disse cadherinbeslektede proteiner er
 15 bevis for at det eksisterer en stor superfamilie kjennetegnet ved et cadherin-ekstracellulært domenemotiv.

Undersøkelser av vevsekspresjonen av de forskjellige cadherinbeslektede proteiner avslører at hver underklasse av molekyler har et unikt vevsfordelingsmønster. E-cadherin er f.eks. funnet i epitelceller, mens N-cadherin er funnet i nerveceller og muskelceller. Ekspresjon av cadherinbeslektede
 25 proteiner synes også å bli romlig og tidsmessig regulert under utvikling, fordi individuelle proteiner synes å bli uttrykt av spesifikke celler og vev på spesifikke utviklingstrinn [for oversikt, se Takeichi (1991), *supra*]. Både den ektopiske ekspresjon av cadherinbeslektede proteiner og inhiberingen av
 30 nativ ekspresjon av cadherinbeslektede proteiner hindrer dannelsen av normal vevsstruktur [Detrick et al., Neuron, 4:493-506 (1990); Fujimori et al., Development, 110:97-104 (1990); Kintner, Cell, 69:225-236 (1992)].

Det unike tidsmessige og vevsekspresjonsmønster for
 35 de forskjellige cadheriner og cadherinbeslektede proteiner er spesielt signifikant ved vurdering av den rolle hver underklasse av proteiner kan spille *in vivo* i normale tilfeller (f.eks. opprettholdelse av tarmepitelbarrieren) og i unormale

tilfeller (f.eks. tumormetastase eller inflammasjon). Forskjellige underklasser eller kombinasjoner av underklasser av cadherinbeslektede proteiner er sannsynligvis ansvarlige for forskjellige tilfeller av celle-celleadhesjoner hvori terapeutisk påvisning og/eller intervensjon kan være ønskelig.

Autoantistoffer fra pasienter med pemphigus vulgaris, en autoimmun hudsykdom kjennetegnet ved dannelsen av blemmer forårsaket av tap av celleadhesjon, reagerer f.eks. med et cadherinbeslektet protein som gir direkte støtte for adhesjonsfunksjon av cadheriner *in vivo* [Amagai et al., Cell, 67:869-877 (1991)]. Undersøkelser har også antydnet at cadheriner og cadherinbeslektede proteiner kan ha regulatoriske funksjoner i tillegg til adhesiv aktivitet. Matsunaga et al., Nature, 334:62-64 (1988), rapporterer at N-cadherin har neurittutvekstfremmende aktivitet. *Drosophila* fat-tumorsuppressorgenet synes å regulere cellevekst og undertrykke tumorinvasjon, slik som mammalsk E-cadherin [se Mahoney et al., supra; Frixen et al., J. Cell. Biol., 113:173-185 (1991); Chen et al., J. Cell. Biol., 114:319-327 (1991); og Vleminckx et al., Cell, 66:107-119 (1991)]. Terapeutisk intervensjon i de regulatoriske aktivitetene av cadherinbeslektede proteiner uttrykt i spesifikke vev, kan således være ønskelig.

Det foreligger således et fortsatt behov i teknikken for identifisering og karakterisering av ytterligere cadherinbeslektede proteiner som deltar i celle-celleadhesjon og/eller regulering. I den utstrekning at cadherinbeslektede proteiner kan danne basis for utviklingen av terapeutiske og diagnostiske midler, er det dessuten essensielt at genene som koder for proteinene, klones. Informasjon om DNA-sekvensene og aminosyresekvensene som koder for de cadherinbeslektede proteiner, ville gi mulighet for storskalaproduksjon av proteinene ved hjelp av rekombinante teknikker og for identifisering av vevene/cellene som naturlig produserer proteinene. En slik sekvensinformasjon ville også tillate fremstilling av anti-stoffmaterialer eller andre nye bindingsmolekyler som er spesifikt reaktive med de cadherinbeslektede proteiner som kan være nyttige ved modulering av de naturlige ligand/antiligandbindingsreaksjoner som proteinene er involvert i.

Oppsummering av oppfinnelsen

Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer en rensset og isolert polynukleotidsekvens, kjennetegnet ved at den koder
5 for det humane protocadherin pc3 som angitt i SEQ ID nr: 110.

Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer videre en biologisk funksjonell DNA-vektor, kjennetegnet ved at den omfatter en DNA-sekvens ifølge oppfinnelsen.

Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer videre en
10 vertscelle, kjennetegnet ved at den er transformert eller transfektert med en DNA-sekvens ifølge oppfinnelsen på en måte som tillater ekspresjon i vertscellen av et protocadherin-polypeptid.

Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer videre en
15 fremgangsmåte for fremstilling av et protocadherinpolypeptid, kjennetegnet ved trinnene med dyrkning av en vertscelle ifølge oppfinnelsen i et egnet næringsmedium og isolering av protocadherinpolypeptidet fra cellen eller fra cellevekst-mediet.

20 Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer videre rensset og isolert, humant protocadherin pc3-polypeptid som angitt i SEQ ID nr: 110.

Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer videre et antistoffmateriale, kjennetegnet ved at det er spesifikt for
25 humant protocadherin pc3 som angitt i SEQ ID nr: 110.

Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer videre hybridomcellelinje, kjennetegnet ved at den produserer et monoklonalt antistoff ifølge oppfinnelsen.

Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer videre
30 protocadherinantistoffmateriale ifølge oppfinnelsen for anvendelse i en terapeutisk intervensjon av celle-celle-adhesjon og/eller regulatoriske aktiviteter av humant protocadherin pc3 omfattende at nevnte protocadherin bringes i kontakt med nevnte antistoffmateriale.

35 Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer videre protocadherin pc3-fragment omfattende ett eller flere ekstracellulære domener av pc3 for anvendelse i en terapeutisk intervensjon av celle-celle-adhesjon og/eller regulatoriske

aktiviteter av humant protocadherin pc3 som angitt i SEQ. ID. nr.: 110, omfattende at nevnte protocadherin bringes i kontakt med nevnte protocadherinfragment.

Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer videre
5 antistoffmateriale ifølge oppfinnelsen som er spesifikt for humant protocadherin pc3 for anvendelse i en terapeutisk fremgangsmåte for modulering av bindingsaktiviteten av humant protocadherin pc3, omfattende at nevnte protocadherin bringes i kontakt med nevnte antistoffmateriale.

10 Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer videre protocadherin pc3-fragment, omfattende ett eller flere ekstracellulære domener av humant protocadherin pc3 med SEQ. ID. nr. 110 for anvendelse i en terapeutisk fremgangsmåte for modulering av bindingsaktiviteten av humant protocadherin pc3,
15 omfattende at nevnte protocadherin bringes i kontakt med nevnte protocadherinfragment.

I ett av dens aspekter tilveiebringer foreliggende oppfinnelse rensede og isolerte polynukleotider (f.eks. DNA og RNA, både sense- og antisense-tråder) som koder for de nye
20 celleadhesjonsmolekyler betegnet heri som protocadheriner, inkludert protocadherin-pc3, protocadherin-pc4 og protocadherin-pc5. Foretrukne polynukleotidsekvenser ifølge foreliggende oppfinnelse inkluderer genomiske og cDNA-sekvenser, så vel som helt eller delvis syntetiserte DNA-sekvenser, og
25 biologiske kopier derav (dvs. kopier av sekvensene fremstilt *in vitro*). Foreliggende oppfinnelse angår også biologisk aktive vektorer som omfatter polynukleotidsekvensene.

Spesielt illustrerende protocadherin-polynukleotidsekvenser er innføyelsene i plasmidene pRC/RSV-pc42 og
30 pRC/RSV-pc43 som ble deponert hos American Type Culture Collection (ATCC), 12301 Parklawn Drive, Rockville, Maryland 20852 den 16. desember 1992, og ble gitt ATCC aksesjonsnr. 69162, henholdsvis 69163.

Den vitenskapelige verdi av informasjonen tilført
35 gjennom beskrivelsene av DNA og aminosyresekvensene ifølge foreliggende oppfinnelse, er innlysende. Kjennskap til sekvensen av et partielt eller komplett DNA som koder for et protocadherin, muliggjør f.eks. isolering, ved hjelp av standard

DNA/DNA-hybridiserings- eller PCR-teknikker, av fullstendige cDNA-eller genomiske DNA-sekvenser som koder for proteinet (eller varianter derav), og i tilfellet med genomiske DNA-sekvenser, proteinet som spesifiserer protocadherinspesifikke, regulatoriske sekvenser, slik som promotere, enhancere og lignende. Alternativt kan DNA-sekvenser ifølge foreliggende oppfinnelse syntetiseres kjemisk ved hjelp av konvensjonelle teknikker. Hybridiserings- og PCR-teknikker tillater også isolering av DNA som koder for heterologe typer av proteiner som er homologe med de spesifikt illustrerte protocadheriner heri.

Ifølge et annet aspekt av foreliggende oppfinnelse blir vertsceller, spesielt eukaryotiske og prokaryotiske celler, stabilt transformert eller transfektert med polynukleotidsekvensene ifølge oppfinnelsen på en måte som tillater ekspresjon av protocadherinpolypeptider i cellene. Vertsceller som uttrykker protocadherinpolypeptidprodukter, ved dyrkning i et egnet dyrkningsmedium, er spesielt anvendelige for stor-skalaproduksjon av protocadherinpolypeptider, fragmenter og varianter, hvilket derved muliggjør isolering av de ønskede polypeptidprodukter fra cellene eller fra dyrkningsmediet for cellene.

De nye protocadherinproteinprodukter ifølge foreliggende oppfinnelse kan erholdes som isolater fra naturlige vevskilder, men fremstilles fortrinnsvis ved hjelp av rekombinante prosedyrer som involverer vertscellene ifølge foreliggende oppfinnelse. Produktene kan erholdes i helt eller delvis glykosylerte, helt eller delvis deglykosylerte eller uglykosylerte former, avhengig av den utvalgte vertscelle eller den rekombinante produksjonsprosess og/eller bearbeidelse etter isolering.

Protocadherinvarianter ifølge foreliggende oppfinnelse kan omfatte polypeptidanaloger hvori én eller flere av de spesifiserte aminosyrer er fjernet eller erstattet, eller hvori én eller flere ikke-naturlig innkodede aminosyrer er tilsatt: (1) uten tap, og fortrinnsvis med forhøyelse, av én eller flere av de biologiske aktiviteter eller immunologiske karakteristika som er spesifikke for et protocadherin; eller (2) med spesifikk utslettelse av en spesiell ligand/anti-

ligand-bindingsfunksjon. Foreliggende oppfinnelse angår også antistoffmaterialer (f.eks. monoklonale og polyklonale antistoffer, kimære og humaniserte antistoffer, antistoffdomener inkludert Fab, Fab', F(ab')₂, Fv eller enkle, variable

5 domener, og enkeltkjedede antistoffer) som er spesifikke for protocadherinene ifølge foreliggende oppfinnelse.

Antistoffmaterialer kan utvikles ved anvendelse av isolerte, naturlige, rekombinante eller syntetiske protocadherin-polypeptidprodukter eller vertsceller som uttrykker slike

10 produkter på deres overflater. Antistoffmaterialene kan anvendes ved rensing av protocadherinpolypeptider ifølge foreliggende oppfinnelse, for bestemmelse av vevsekspresjon av polypeptider og som antagonister for protocadherinenes ligand/antiligand-bindingsaktiviteter. Spesielt illustrerende, 15 monoklonale antistoffer ifølge foreliggende oppfinnelse er de protocadherin-43-spesifikke, mono-klonale antistoffer produsert av hybridomcellelinjen med betegnelse 38I2C som ble deponert hos ATCC den 2. desember 1992 og gitt ATCC-aksesjonsnr. HB 11207.

20 Et stort antall andre aspekter og fordeler ved foreliggende oppfinnelse vil fremgå ved betraktning av den følgende, detaljerte beskrivelse, med referanse til figurene hvori figur 1A-C er en oppstilling av protocadherinsyresekvenser ifølge foreliggende oppfinnelse sammen med aminosyresekvensene 25 for N-cadherin og *Drosophila* fat-tumorsuppressoren.

Detaljert beskrivelse

Foreliggende oppfinnelse illustreres ved hjelp av de følgende eksempler hvori eksemplene 1, 2 og 3 beskriver isolering av protocadherinpolynukleotidsekvenser ved hjelp av PCR. 30 Eksempel 3 beskriver også den kromosomale lokalisering av flere protocadheringener ifølge foreliggende oppfinnelse. Eksempel 4 beskriver isolering av ytterligere protocadherinpolynukleotidsekvenser ifølge foreliggende oppfinnelse ved hjelp 35 av DNA/DNA-hybridisering. Eksempel 5 viser konstruksjon av ekspresjonsplasmider som inkluderer polynukleotider som koder for protocadherin-42 eller protocadherin-43, og transfeksjon av L-celler med plasmidene. Dannelsen av antistoffer mot pro-

tocadherin-42 og protocadherin-43 er beskrevet i eksempel 6. Eksempel 7 viser resultatene av immunanalyser av transfekterte L-celler for ekspresjon av protocadherin-42 eller protocadherin-43. Eksempel 8 beskriver celleaggregeringsegenskapene for L-celler transfektert med protocadherin-42, protocadherin-43 eller et kimært protocadherin-43/E-cadherinmolekyl. Kalsiumbindingsegenskapene for pc43 er beskrevet i eksempel 9. Resultatene av analyser av forskjellige vev og cellelinjer for ekspresjon av protocadherin-42 og protocadherin-43 ved hjelp av Northern blot, Western blot og *in situ*-hybridisering er henholdsvis vist i eksemplene 10, 11 og 12. Eksempel 13 beskriver immunutfellingseksperimenter som identifiserer et 120 kDa-protein som utfelles sammen med protocadherin-43.

15 Eksempel 1

Polymerasekjedereaksjonen (PCR) ble anvendt for å isolere nye rotte-cDNA-fragmenter som koder for cadherinbeslektede polypeptider.

20 Utforming av PCR-primere

To områder med konserverte aminosyresekvens, ett fra midten av det tredje, ekstracellulære cadherin-subdomene (EC-3) og det andre fra C-terminalen av det fjerde, ekstracellulære subdomene (EC-4), ble identifisert ved sammenligning mellom de publiserte aminosyresekvenser for L-CAM (Gallin et al., *supra*), E-cadherin (Nagafuchi et al., *supra*), muse-P-cadherin (Nose et al., *supra*), uvomorulin (Ringwald et al., *supra*), kylling-N-cadherin (Hatta et al., *supra*), muse-N-cadherin [Miyatani et al., *Science*, 245:631-635 (1989)] og humant P-cadherin [Shimoyama et al., *J. Cell. Biol.*, 109:1787-1794 (1989)], og de tilsvarende, degenererte oligonukleotider som henholdsvis er oppført nedenfor med IUPAC-IUB biokjemisk nomenklatur, ble utformet for anvendelse som PCR-primere.

Primer 1 (sekvens-ID nr. 1)

5' AARSSNNTNGAYTRYGA 3'

Primer 2 (sekvens-ID nr. 2)

3' TTRCTRTTRCGNGGNNN 5'

De degenererte oligonukleotider ble syntetisert ved anvendelse

av Applied Biosystems modell 380B DNA-syntetiseringsapparat (Foster City, California).

Kloning av cDNA-sekvenser ved hjelp av PCR

- 5 PCR ble utført på lignende måte som beskrevet i Suzuki et al., Cell Regulation, 2:261-270 (1991), på et rottehjerne-cDNA-preparat. Totalt RNA ble fremstilt fra rottehjerne ved hjelp av guanidinisotiocyanat/cesiumkloridmetoden beskrevet i Maniatis et al., s. 196 i Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, New York: Cold Spring Harbor Laboratory (1982). Hjerne-poly(A)⁺-RNA ble deretter isolert ved anvendelse av et "FastTrack"-sett (Invitrogen, San Diego, California), og cDNA ble fremstilt ved anvendelse av et cDNA-syntesesett (Boehringer Mannheim Biochemicals, Indianapolis, Indiana).
- 10 PCR-reaksjonen ble innledet ved tilsetning av 2,5 enheter Taq-DNA-polymerase (Boehringer Mannheim Biochemicals) til 100 ng templat-cDNA og 10 µg av hver primer, hvorefter det ble utført 35 reaksjonssykluser med denaturering ved 94°C i 1,5 minutter, annealering ved 45°C i 2 minutter og polymerisering ved 72°C i 3 minutter. To hovedbånd med størrelse på ca. 450 basepar (bp) og 130 bp ble funnet når produktene fra PCR-reaksjonen ble underkastet agarosegelelektroforese. 450 bp-båndet tilsvarte den forventede lengde mellom de to primerseter som tilsvare midten av det tredje, ekstracellulære cadherin-subdomene (EC-3) og karboksylterminalen av det fjerde, ekstracellulære cadherin-subdomene (EC-4), men 130 bp-båndet kunne ikke forutsis ut fra noen av de tidligere identifiserte cadherinsekvenser. 450 bp- og 130 bp-båndene ble ekstrahert ved hjelp av en fryse- og tinemetode. De resulterende fragmenter ble fosforylert ved 5'-enden med T4-polynukleotidkinase og subklonet ved hjelp av en butt-ende-ligering i Sma I-setet av M13mp18 (Boehringer Mannheim Biochemicals) i en butt-ende-ligering for sekvensanalyse. Sekvensering av fragmentene ble utført ved hjelp av dideoksynukleotidkjedeavslutningsmetoden ved hjelp av et "Sequenase"-sett (United States Biochemicals, Cleveland, Ohio). DNA- og aminosyresekvens ble analysert ved anvendelse av Beckman Microgenie-programmet (Fullerton, California).
- 15
- 20
- 25
- 30
- 35

Analyse av cDNA-sekvenser

19 nye, partielle cDNA-kloner ble isolert. DNA-sekvensene og de utledede aminosyresekvenser for klonene (inkludert sekvenser som tilsvare PCR-primerne) er oppført som følger: RAT-123 (sekvens-ID nr. 3, henholdsvis 4), RAT-212 (sekvens-ID nr. 5 og 6), RAT-214 (sekvens-ID nr. 7 og 8) RAT-216 (sekvens-ID nr. 9 og 10), RAT-218 (sekvens-ID nr. 11 og 12), RAT-224 (sekvens-ID nr. 13 og 14), RAT-312 (sekvens-ID nr. 15 og 16), RAT-313 (sekvens-ID nr. 17 og 18), RAT-314 (sekvens-ID nr. 19 og 20), RAT-315 (sekvens-ID nr. 21 og 22), RAT-316 (sekvens-ID nr. 23 og 24), RAT-317 (sekvens-ID nr. 25 og 26), RAT-321 (sekvens-ID nr. 27 og 28), RAT-323 (sekvens-ID nr. 29 og 30), RAT-336 (sekvens-ID nr. 31 og 32), RAT-352 (sekvens-ID nr. 33 og 34), RAT-411 (sekvens-ID nr. 35 og 36), RAT-413 (sekvens-ID nr. 37 og 38) og RAT-551 (sekvens-ID nr. 39 og 40).

De utledede aminosyresekvenser for cDNA-klonene er homologe med, men forskjellige fra, de kjente cadheriner. De hittil beskrevne cadheriner har ytterst konserverte, korte aminosyresekvenser i det tredje, ekstracellulære subdomene (EC-3) inkludert konsensussekvensen D-Y-E eller D-F-E lokalisert i det midtre området av subdomenet, og konsensussekvensen D-X-N-E-X-P-X-F (sekvens-ID nr. 41) eller D-X-D-E-X-P-X-F (sekvens-ID nr. 42) i enden (Hatta et al., *supra*), mens de tilsvarende sekvenser for andre subdomener, med unntak av det femte, ekstracellulære subdomene (EC-5), er henholdsvis D-R-E og D-X-N-D-N-X-P-X-F (sekvens-ID nr. 43). I motsetning til dette inkluderer de utledede aminosyresekvenser for de nye kloner som tilsvare ekstracellulære cadherin-subdomener, sekvensen D-Y-E eller D-F-E i én ende, men har sekvensen D-X-N-D-N-X-P-X-F istedenfor D-X-N-E-X-P-X-F eller D-X-D-E-X-P-X-F i den andre ende. Polypeptidene som kodes for av de partielle kloner, er homologe med tidligere identifiserte cadheriner, men viste ikke signifikant homologi med noen andre sekvenser i Genbank. De partielle cDNA synes derfor å omfatte en ny underklasse av cadherinbeslektede molekyler.

Eksempel 2

Forskjellige cDNA-fragmenter som er strukturelt lignende rotte-cDNA beskrevet i eksempel 1, ble isolert fra humane, muse- og Xenopus-hjerne-cDNA-preparater, og fra *Drosophila* og *C. elegans* fullstendige cDNA-preparater ved hjelp av PCR ved anvendelse av primerne 1 og 2 som beskrevet i eksempel 1. DNA-sekvensene og de utledede aminosyresekvenser for de resulterende PCR-fragmenter (inkludert sekvenser som tilsvarende PCR-primerne) er oppført som følger: MOUSE-321 (sekvens-ID nr. 44 og 45), MOUSE-322 (sekvens-ID nr. 46 og 47), MOUSE-324 (sekvens-ID nr. 48 og 49), MOUSE-326 (sekvens-ID nr. 50 og 51), HUMAN-11 (sekvens-ID nr. 52 og 53), HUMAN-13 (sekvens-ID nr. 54 og 55), HUMAN-21 (sekvens-ID nr. 56 og 57), HUMAN-24 (sekvens-ID nr. 58 og 59), HUMAN-32 (sekvens-ID nr. 60 og 61), HUMAN-42 (sekvens-ID nr. 62 og 63), HUMAN-43 (sekvens-ID nr. 64 og 65), HUMAN-212 (sekvens-ID nr. 66 og 67), HUMAN-213 (sekvens-ID nr. 68 og 69), HUMAN-215 (sekvens-ID nr. 70 og 71), HUMAN-223 (sekvens-ID nr. 72 og 73), HUMAN-410 (sekvens-ID nr. 74 og 75), HUMAN-443 (sekvens-ID nr. 76 og 77), XENOPUS-21 (sekvens-ID nr. 78 og 79), XENOPUS-23 (sekvens-ID nr. 80 og 81), XENOPUS-25 (sekvens-ID nr. 82 og 83), XENOPUS-31 (sekvens-ID nr. 84 og 85), DROSOPHILA-12 (sekvens-ID nr. 86 og 87), DROSOPHILA-13 (sekvens-ID nr. 88 og 89), DROSOPHILA-14 (sekvens-ID nr. 90 og 91) og *C. ELEGANS*-41 (sekvens-ID nr. 92 og 93). Sammenligning av de utledede aminosyresekvenser indikerer signifikant likhet mellom sett av disse kloner. Det er spesielt tre sett av kloner som synes å være kryss-artshomologe: RAT-218, MOUSE-322 og HUMAN-43; RAT-314, MOUSE-321 og HUMAN-11; og MOUSE-326 og HUMAN-42.

Eksempel 3

For å bestemme den fullstendige struktur av de nye proteiner definert ved hjelp av PCR-produktene, ble to uforkortede, humane cDNA som tilsvarende de partielle cDNA HUMAN-42 og HUMAN-43, isolert.

Isolering av uforkortede, humane cDNA

Et humant fosterhjerne-cDNA-bibliotek (Stratagene, La

Jolla, California) i λ ZapII-vektoren ble screenet ved hjelp av plakk-hybridiseringsmetoden [beskrevet i Ausubel et al., red., Current Protocols in Molecular Biology, avsnitt 6.1.1 til 6.1.4 og 6.2.1 til 6.2.3, John Wiley & Sons, New York (1987)] med ^{32} P-merkede HUMAN-42 og HUMAN-43 DNA-fragmenter. De positive kloner ble plakkrenset, og ved anvendelse av et hjelpervirus ble innføyelsene utskåret ved hjelp av en *in vivo*-utskjæringsmetode i form av et "Bluescript SK(+)"-plasmid. De innføyde sekvenser ble deretter subklonet i M13-vektoren (Boehringer Mannheim, Biochemicals) for sekvensering. Flere overlappende cDNA-kloner ble isolert hvor hver probe inkluderte to cDNA som inneholdt de antatte, fullstendige kodingssekvenser for to nye proteiner, betegnet protocadherin-42 (pc42) og protocadherin-43 (pc43). DNA-sekvensene og de utledede aminosyresekvenser for pc42 er fremlagt i henholdsvis sekvens-ID nr. 94 og 95, mens DNA-sekvensene og de utledede aminosyresekvenser for pc43 er fremlagt i henholdsvis sekvens-ID nr. 96 og 97.

En beskrivelse av kloningen av protocadherinsekvenser ifølge foreliggende oppfinnelse ble publisert i Sano et al., The EMBO Journal, 12(6):2249-2256 (1993) etter innsendelse av prioritetssøknaden. Den utledede aminosyresekvens for pc43 ble tidligere presentert på møtet av 9. desember 1991 til American Society for Cell Biology. Et sammendrag av presentasjonen er publisert som Suzuki et al., J. Cell. Biol., 115:72a (Abstract 416) (9. desember 1991).

Analyse av uforkortede, humane kloner

Sammenligning mellom de uforkortede cDNA-sekvenser for pc42 og pc43 og sekvensene for de forskjellige DNA-fragmenter opprinnelig erholdt ved hjelp av PCR, avslører at MOUSE-326 og HUMAN-42 tilsvarer en del av det fjerde, ekstracellulære subdomene (EC-4) av pc42, og RAT-314, MOUSE-321 og HUMAN-11 tilsvarer en del av det tredje, ekstracellulære subdomene (EC-3) av pc43, og RAT-218, MOUSE-322 og HUMAN-43 tilsvarer en del av det femte, ekstracellulære domene (EC-5) av pc43.

De totale strukturer av pc42 og pc43 er lignende

strukturen av typiske cadheriner, men de nye molekyler har også særskilte trekk. Begge protocadherin-cDNA-sekvenser inneholder antatte translasjonsinnledningsseter, og translaterte aminosyresekvenser starter med typiske signalsekvenser, men
5 klonene mangler prosekvensene som er til stede i alle kjente cadherinforløpere. cDNA koder for proteiner med et stort N-terminalt, ekstracellulært domene og et forholdsvis kort, C-terminalt, cytoplasmatisk domene forbundet med en transmembransekvens. De ekstracellulære domener av pc42 og pc43 har
10 forskjellig lengde, og pc42 inneholder syv subdomener som er svært like det typiske, ekstracellulære cadherin-subdomene, mens pc43 har seks slike subdomener. Størrelsene av de protocadherin-cytoplasmatiske domener er lignende de typiske cadheriner, men sekvensene oppviser ingen signifikant homologi
15 med sekvensene av kjente cadheriner eller cadherinbeslektede proteiner.

Aminosyreidentitetsbestemmelser mellom ekstracellulære subdomener av human pc42 og pc43, og av muse-N-cadherin (sekvens-ID nr. 98) (presentert som et eksempel på et "typisk" cadherin) og det attende, ekstracellulære subdomene av *Drosophila* fat-tumorsuppressor (EC-18, sekvens-ID nr. 99) (det
20 attende, ekstracellulære subdomene av fat er et prototypisk fat-subdomene) er vist i tabell 1 nedenfor, hvori f.eks. "N-EC-1 x pc42" indikerer at det første, ekstracellulære subdomene av N-cadherin ble sammenlignet med det ekstracellulære
25 subdomene av pc42 angitt på den horisontale akse.

30

35

Tabell 1

		<u>EC-1</u>	<u>EC-2</u>	<u>EC-3</u>	<u>EC-4</u>	<u>EC-5</u>	<u>EC-6</u>	<u>EC-7</u>
5	N-EC-1 x pc42	20	27	26	26	31	29	17
	N-EC-1 x pc43	31	23	23	26	31	24	
	N-EC-2 x pc42	28	30	32	30	37	31	19
	N-EC-2 x pc43	30	28	30	36	29	30	
10	N-EC-3 x pc42	21	26	30	29	31	30	22
	N-EC-3 x pc43	25	18	26	28	28	25	
	N-EC-4 x pc42	28	28	26	25	29	27	17
	N-EC-4 x pc43	21	25	28	28	29	24	
15	N-EC-5 x pc42	24	21	25	24	24	19	12
	N-EC-5 x pc43	15	21	20	20	25	16	
	fat EC-18 x pc42	22	35	32	34	42	35	19
	fat EC-18 x pc43	32	30	36	36	33	29	

20 Aminosyreidentitetsverdiene mellom de ekstracellulære subdomener av pc42 og pc43, og N-cadherin EC-1 til EC-5 og *Drosophila fat* EC-18 er for det meste mindre enn 40%. Disse identitetsverdier er sammenlignbare med verdiene mellom subdomenene av andre cadherin-underklasser. Høyere identitetsverdier indikerer imidlertid at pc42 og pc43 er nærmere beslektet med *fat* enn N-cadherin.

Aminosyreidentitetsbestemmelser mellom ekstracellulære subdomener av human p42 og pc43 er vist i tabell 2 nedenfor.

30

35

Tabell 2

		<u>pc42</u>						
	<u>pc43</u>	<u>EC-1</u>	<u>EC-2</u>	<u>EC-3</u>	<u>EC-4</u>	<u>EC-5</u>	<u>EC-6</u>	<u>EC-7</u>
5	EC-1	33	27	29	26	25	26	25
	EC-2	26	38	29	33	34	28	21
	EC-3	26	32	41	30	32	31	22
	EC-4	25	34	30	41	39	31	18
10	EC-5	23	32	29	27	36	34	16
	EC-6	25	25	26	25	28	23	26

Identitetsverdiene mellom respektive EC-1-, EC-2-, EC-3-, EC-4-, EC-5-subdomener og de siste subdomener av pc42 og pc43 er generelt høyere verdier enn verdier erholdt for sammenligninger mellom protocadherinene og N-cadherin. Disse resultater antyder at pc42 og pc43 er mer nær beslektet med hverandre enn med klassiske cadheriner.

Figur 1A-C viser en oppstilling av de utledede aminosyresekvenser av de ekstracellulære subdomener av pc42 (EC-1 til EC-7), pc43 (EC-1 til EC-6), muse-N-cadherin (EC-1 til EC-5) og *Drosophila* fat EC-18. En sekvens på en linje i figur 1A fortsetter på den samme linje i figur 1B og 1C. Mellomrom ble innført for å maksimalisere homologi. Aminosyrerestene angitt med store bokstaver på "motiv"-linjen, er til stede i mer enn halvparten av subdomenene av N-cadherin, pc42, pc43 og *Drosophila* fat. Aminosyrerestene angitt med små bokstaver på motivlinjen, er mindre godt konserverv i human pc42, pc43 og *Drosophila* fat. Figur 1A-C viser at mange karakteristiske aminosyrer for andre ekstracellulære cadherin-domenegjentakelser er konserverv i pc42- og pc43-sekvensene, inkludert cadherin-sekvensmotivene DXD, DRE og DXNDNXPXF (sekvens-ID nr. 43), to glysinrester og én glutaminsyrerest. Pc42 og pc43 deler dessuten unike trekk sammenlignet med N-cadherin. Flere aminosyrer på spesifikke seter er konserverv mellom pc42 og pc43, slik som DXDXGXN- (sekvens-ID nr. 100) protocadherinsekvensmotivet nær aminoterminalen av pc42- og pc43-subdomenene, og AXDXGXF-

(sekvens-ID nr. 101) sekvensmotivet nær karboksylterminalen av subdomenene. Begge protocadheriner deler dessuten områder som ikke oppviser signifikant homologi med det typiske cadherin-motiv (av N-cadherin) nær karboksylterminalen av EC-1, midt mellom EC-2 og EC-4, og ved karboksylterminalen av den siste gjentakelse. En cysteinrest er lokalisert i en lignende posisjon i midten av EC-4 i pc42 og pc43. De ekstracellulære subdomener av pc42 og pc43 er generelt mer lik EC-18 i fat enn de ekstracellulære subdomener i N-cadherin.

10

Mulig alternativ spleising

Sekvensanalyse av forskjellige overlappende protocadherin-cDNA-kloner avslørte at noen kloner inneholdt unike sekvenser ved 3'-enden selv om 5'-endesevensene var identiske med andre kloner. Sekvensene som danner grensene for 3'-endedområdene, er overensstemmende med konsensus-sekvensen for mRNA-spleising, hvilket antyder at disse kloner kan tilsvare alternativt spleisete mRNA. DNA og de avledede aminosyresekvenser av ett mulig produkt av alternativ spleising av pc42-mRNA er oppført i sekvens-ID nr. 102 og 103. DNA og de avledede aminosyresekvenser av to mulige produkter fra alternativ spleising av pc43-mRNA er vist i henholdsvis sekvens-ID nr. 104 og 105, og sekvens-ID nr. 106 og 107.

Kromosomlokalisering

Den kromosomale lokalisering av protocadherin 413-genet (sekvens-ID nr. 37) og av pc42- og pc43-genene ble bestemt ved hjelp av konvensjonelle metoder.

Kort beskrevet ble C3H/HeJ-*gld*- og *Mus spretus*- (Spania)mus og [(C3H/HeJ-*gld* x *Mus spretus*) F₁ x C3H/HeJ-*gld*] interarts-tilbakekrysningsmus avlet og opprettholdt som tidligere beskrevet i Seldin et al., J. Exp. Med., 167:688-693 (1988). *Mus spretus* ble valgt som den andre forelder ved kryssningen på grunn av den relative letthet for påvisning av informative restriksjonsfragmentlengdevarianter (RFLV) sammenlignet med kryssninger ved anvendelse av konvensjonelle, innavlede laboratoriestammer. Genbinding ble bestemt ved segregasjonsanalyse.

35

Genomisk DNA isolert fra museorganer ved hjelp av standardteknikker, ble spaltet med restriksjonsendonukleaser, og 10 µg prøver ble underkastet elektroforese i 0,9% agarosegeler. DNA ble overført til "Nytran"-membraner (Schleicher & Schuell, Inc., Keene, NH), hybridisert med den passende probe ved 65°C og vasket under strenge betingelser, alt som tidligere beskrevet i Maniatis et al., *supra*. For å lokalisere pc42-genet ble det anvendt en musesekvensprobe som tilsvarer nukleotidene 1419 til 1906 av sekvens-ID nr. 94, og for pc43 ble det anvendt en rottesekvensprobe som tilsvarer nukleotidene 1060 til 1811 av sekvens-ID nr. 96. For å lokalisere protocadherin 413-genet ble det anvendt en probe som inkluderte sekvensen oppført i sekvens-ID nr. 37. Andre kloner anvendt som prober i denne undersøkelse og RFLV anvendt for å påvise anonyme DNA-steder, var alle beskrevet tidligere [kromosom 7, DNA-segment, Washington 12 (*D7Was12*); paratyreoidhormonet (*Pth*); kalsitonin (*Calc*); hemoglobin, β -kjede (*Hbb*); metallotionein-I (*Mt-I*); adeninfosforibosyltransferase (*Aprt*); veksthormonreseptor (*Ghr*); prostaglandin E-reseptor EP2-subtype (*Ptgerp2*); dihydrofolatreduktase-2 (*Dhfr2*); fibroblastvekstfaktor a (*Fgfa*); og glukokortikoidreseptor-1 (*Grl-1*)].

Sammenligning mellom haplotyfordelingen av protocadheringener og genene bestemt for steder gjennom hele musegenomet, tillot hvert gen å bli kartlagt til spesifikke områder av musekromosomer. Sannsynligheten for binding var >99%, og indikert tilordning av både pc42-genet og pc43-genet var kromosom 18. Tilordningen av protocadherin 413-genet var kromosom 7. Området av kromosom 18 som pc42- og pc43-genene ble kartlagt til, tilsvarer ataxia(ax) lokaliteten [Burt, Anat. Rec., 196:61-69 (1980) og Lyon, J. Hered., 46:77-80 (1955)] og "twirler" (*Tw*) lokaliteten [Lyon, J. Embryol. Exp. Morphol., 6:105-116 (1958)], mens området for kromosom 7 som protocadherin 413-genet ble kartlagt til, tilsvarer "shaker" (*sh-1*) lokaliteten [Kikuchi et al., Acta Oto-Laryngol., 60:287-303 (1965) og Lord et al., Am. Nat., 63:453-442 (1929)]. Disse lokaliteter er blitt angitt som involvert i arvelig nervesykdom hos mus. Dette resultat er overensstemmende med *in situ*

hybridiseringsresultater (se eksempel 12) som viser at pc42 og pc43 blir sterkt uttrykt i hjernen og spesielt i cerebellum.

Eksempel 4

5 To ytterligere nye, humane protocadherin-cDNA og én ytterligere ny rotte-protocadherin-cDNA ble isolert ved anvendelse av rotte-protocadherinfragmenter beskrevet i eksempel 1 som prober.

10 Innledningsvis ble rotteklonen RAT-214 (sekvens-ID nr. 7) anvendt som en probe for å screene et rottehjerne-cDNA-bibliotek (Stratagene, La Jolla, CA). Det siste vasketrinn ble utført to ganger ved 50°C i 0,1X SSC med 0,1% SDS i 15 minutter. Det ble identifisert forskjellige kloner som inneholdt partielle cDNA-innføyer som koder for beslektede protocadherin-aminosyresekvenser. Nukleotidsekvensen av én ny rotteklon betegnet nr. 6-2, er oppført i sekvens-ID nr. 108. De første 15 nukleotider av sekvens-ID nr. 108 er sekvensen av en linker og er ikke en del av rotte nr. 6-2-klonen.

20 Et humant rottehjerne-cDNA-bibliotek erholdt fra Stratagene, ble screenet med det 0,7 kbp PstI-fragment av klon nr. 6-2. Fragmentene synes å kode for EC-2 og EC-3 i rotte-protocadherinet. Etter screening av ca. 2×10^6 fager ble det isolert 11 positive kloner. Sekvensering av klonene identifiserte et nytt, uforkortet, humant protocadherin-cDNA betegnet 25 humant pc3. Nukleotidsekvensen og utledet aminosyresekvens av humant pc3 er oppført i sekvens-ID nr. 109 og 110.

Det 0,7 kbp PstI-fragment av rotteklon nr. 6-2 ble også anvendt til en ny screening av Stratagene-rottehjerne-cDNA-biblioteket for uforkortede rotte-cDNA-kloner. En klon 30 inneholdende en innføyelse som koder for et uforkortet, nytt protocadherin-cDNA, ble isolert. DNA-sekvensen og utledet aminosyresekvens av innføyelsen er oppført i sekvens-ID nr. 111 og 112. Det uforkortede rotte-cDNA ble betegnet pc5 fordi det ikke synes å være homologen av den humane pc3-klon, basert på en sammenligning av sekvensene. 35

Det 0,8 kbp Eco RI-Pst I-fragment av partielt rotte-cDNA, betegnet nr. 43 (sekvens-ID nr. 113), som var erholdt ved screening av Stratagene-rottehjerne-cDNA-biblioteket med

en probe som tilsvarende det humane pc43-cytoplasmatiske domene, ble samtidig anvendt for å undersøke Stratagene-humant-cDNA-biblioteket med hensyn til uforkortede, humane protocadherin-cDNA. Fragmentet synes å kode for EC-3 gjennom begynnelsen av EC-6 av klon nr. 43. En spesielt identifisert klon koder for et nytt, humant protocadherin betegnet humant pc4. Nukleotid-sekvensen og utledede aminosyresekvenser av den humane pc4-klon er oppført i sekvens-ID nr. 114 og 115. Aminosyresekvensen som kodes for av pc4-klonen, synes å begynne i midten av EC-2 i pc4 og fortsetter gjennom protocadherinets cytoplasmatiske hale.

Eksempel 5

De uforkortede, humane cDNA som koder for pc42 og pc43, ble uttrykt i L-celler (ATCC CCL 1) ved anvendelse av pRC/RSV-ekspresjonsvektoren (Invitrogen, San Diego, California). cDNA ble isolert fra "Bluescript SK(+)"-klonene beskrevet i eksempel 2 ved spaltning med SspI, etterfulgt av butt-ending med DNA-polymerase og spaltning med XbaI (for pc42), eller ved dobbel spaltning med SpeI og EcoRV (for pc43). pRC/RSV-ekspresjonsvektoren ble spaltet med HindIII, etterfulgt av butt-ending og ny spaltning av XbaI for innføyelse av pc42-sekvenser, eller ved spaltning med XbaI etterfulgt av butt-ending og ny spaltning med SpeI for innføyelse av pc43-sekvenser. De isolerte protocadherin-DNA ble ligert i den lineariserte pRC/RSV-vektor. Det resulterende pc42-ekspresjonsplasmid betegnet pRC/RSV-pc42 (ATCC 69162) og pc43-ekspresjonsplasmid betegnet pRC/RSV-pc43 (ATCC 69163), ble rensset ved CsCl-gradientsentrifugering og transfektert i L-celler ved hjelp av en Ca-fosfatmetode.

Pc42- og pc43-transfektantene var morfologisk like med foreldrecellene. Northern blot-analyse av L-celler transfektert med pc42- eller pc43-DNA-sekvenser, viste at de transfekterte celler uttrykte mRNA med en størrelse forventet å kode for det spesielle protocadherin.

Eksempel 6

Polyklonale kaninantistoffer spesifikke for pc42 og

pc43, ble frembrakt, så vel som et monoklonalt museantistoff spesifikt for pc43.

Fremstilling av polyklonale antistoffer for pc42 og pc43

5 Hver av DNA-sekvensene som koder for deler av det ekstracellulære domene av pc42 og pc43, ble fusjonert med en sekvens som koder for et maltosebindingsprotein og uttrykt i bakterier. Nærmere bestemt ble DNA som tilsvare EC-4 til EC-7 i pc42 og EC-3 til EC-5 i pc43, fremstilt ved hjelp av PCR og
10 subklonet i den korrekte avlesningsramme i flerkloningssettet av pMAL-ekspressjonsvektoren (New England Biolabs, Beverly, Massachusetts) som inneholder sekvenser som koder for maltosebindingsprotein umiddelbart oppstrøms for flerkloningssettet. De resulterende plasmider ble deretter innført i *E. coli*
15 NM522-celler (Invitrogen, San Diego, California) ved hjelp av en ett-trinns transformasjonsmetode. Ekspressjon av fusjonsproteinene ble indusert ved tilsetning av IPTG, og fusjonsproteinene ble rensset fra celleekstrakter ved hjelp av amylose-resin-affinitetskromatografi (New England Biolabs) som beskrevet av produsenten. Fusjonsproteinene ble anvendt for im-
20 munisering av kaniner uten ytterligere rensing.

Polyklonale antistoffer ble fremstilt i kaniner ved immunisering på fire subkutane steder med 500 µg rensset fusjonsprotein i Freunds komplette adjuvans. Etterfølgende im-
25 muniseringer med 100 µg av fusjonsproteinet ble utført i Freunds ukomplette adjuvans. Immunsera ble passert gjennom "Sephadex" koblet til maltosebindingsprotein (New England Biolabs), og polyklonale antistoffer ble rensset fra immunsera ved anvendelse av "Sephadex"-affinitetskolonner preparert ved
30 reaksjon av det rensede fusjonsprotein med CNBr-"Sephadex" (Pharmacia). Reaktiviteten av de polyklonale sera med rensset pc42-fusjonsprotein og pc42-transfektete celleekstrakter (beskrevet i eksempel 5) ble bekreftet.

35 Fremstilling av monoklonale antistoffer spesifikke for pc43

Pc43-fusjonsproteinet (inneholdende EC-3- til EC-5-subdomenene av pc43) ble anvendt for å frembringe monoklonale antistoffer i mus i overensstemmelse med metoden ifølge Ken-

nett, *Methods in Enzymol.*, 58:345-359 (1978). Kort beskrevet, ble mus immunisert med pc43-fusjonsproteinet (100 µg) på to subkutane steder. Milten fra musen med den høyeste titer ble fusjonert med NS1-myelomcellelinjen. De resulterende hybridom-supernatanter ble screenet i en ELISA-test for reaktivitet med pc43-fusjonsproteinet og med maltosebindingsprotein. Fusjonsbrønnene med den høyeste reaktivitet overfor de pc43-ekstracellulære domener ble subklonet. Hybridomcellelinjen betegnet 38I2C (ATCC HB 11207), produserte et IgG₁-subtype monoklonalt antistoff spesifikt for pc43. Reaktiviteten av det monoklonale antistoff produsert av hybridomcellelinje 38I2C overfor pc43, ble bekreftet ved immunblotting av pc43 L-celle-transfektantene beskrevet i eksempel 5. Det 38I2C-monoklonale antistoff er spesifikt for humant pc43.

Eksempel 7

L-celler transfektert med DNA-sekvenser som koder for pc42 og pc43 som fremstilt i eksempel 5, ble analysert for ekspresjon av protocadherinene ved hjelp av immunblot og immunfluorescensmikroskopi.

Immunblotanalyse

Celleekstrakter av pc42- og pc43-transfektanter ble underkastet SDS-PAGE og deretter blottet elektroforetisk på en PVDF-membran (Millipore, Bedford, Massachusetts). Membranene ble inkubert med 5% skummet melk i Tris-bufret saltløsning (TBS) i to timer og deretter med henholdsvis enten pc42-polyklonalt serum eller pc43-monoklonalt antistoff i 1 time. Membranene ble vasket tre ganger (i 5 minutter pr. vask) med TBS inneholdende 0,05% "Tween 20" og inkubert med henholdsvis alkalisk fosfatase-konjugert anti-kanin IgG-antistoff eller anti-muse-IgG-antistoff (Promega, Madison, Wisconsin) i den samme buffer i 1 time. Etter vask av membranene med TBS inneholdende 0,05% "Tween 20", ble reaktive bånd visualisert ved anvendelse av Western blå-oppløsning (Promega).

Anti-pc42-polyklonale antistoffer farget et bånd med molekylvekt på ca. 170 kDa i pc42-transfekterte celler, men ikke i L-stamceller. Det pc43-spesifikke, monoklonale anti-

stoff (38I2C) og polyklonale antistoffer farget to nærliggende bånd med molekylvekt på ca. 150 kDa i pc43-transfekterte celler. Pc43-antistoffene farget ikke bånd i L-stamceller. De indikerte molekylvekter ved farging av båndene med pc42- og pc43-antistoffene er betydelig høyere enn molekylvektene som ble forutsagt fra de utledede aminosyresekvenser. Denne uoverensstemmelse i molekylvekt er vanlig blant forskjellige cadherinbeslektede proteiner og kan tilskrives glykosyleringen og/eller cadherinspesifikke, strukturelle egenskaper. Pc42-antistoffene farget også mindre bånd som kan være proteolytiske nedbrytningsprodukter.

Når transfekterte celler ble behandlet med trypsin og celleekstrakter ble fremstilt, underkastet SDS/PAGE og immunblottet med det passende antistoff, ble pc42- og pc43-polypeptidene uttrykt av de transfekterte celler, funnet å være ytterst sensitive overfor proteolyse og ble lett spaltet ved behandling med 0,01% trypsin. I motsetning til de klassiske cadheriner ble imidlertid disse proteiner ikke beskyttet mot spaltning i nærvær av 1-5 mM Ca^{2+} .

Immunfluorescensmikroskopi

Transfekterte celler ble dyrket på et dekkglass på forhånd belagt med fibronectin, og ble fiksert med 4% paraformaldehyd i 5 minutter ved romtemperatur, eller med kald metanol på is i 10 minutter etterfulgt av 4% paraformaldehydfiksering. Etter vask med TBS ble cellene inkubert med TBS inneholdende 1% BSA i 30 minutter, og deretter med anti-pc42-polyklonalt antistoff eller anti-pc43-monoklonalt antistoff i TBS inneholdende 1% BSA, i 1 time. Dekkglassene ble deretter vasket med TBS inneholdende 0,01% BSA og inkubert med henholdsvis FITC-konjugert anti-kanin-antistoff eller anti-muse-antistoff (Cappel, Durham, North Carolina) i 60 minutter ved romtemperatur. Cellene ble vasket på nytt med TBS inneholdende 0,01% BSA og underkastet fluorescensmikroskopi. Både pc42-spesifikke og pc43-spesifikke, polyklonale antistoffer farget periferien av transfekterte celler som uttrykker protocadherinproteinene, hovedsakelig ved celle-celle-kontaktstedene. Antistoffene farget ikke L-stamcellene, og kanin-preimmunsera farget heller

ikke pc42- og p43-transfektantene.

Eksempel 8

Celleaggregeringsegenskapene for de transfekterte L-celler som uttrykker protocadherinproteiner, ble undersøkt. Transfekterte L-celler ble dyrket i Dulbeccos modifiserte Eagles-medium (DMEM) (Gibco, Grand Island, New York) supplert med 10% bovint fosterserum ved 37°C i 5% CO₂. Celler dyrket nær konfluens, ble behandlet med 0,01% trypsin i nærvær av 1 mM EGTA i 25 minutter på et rotasjonsristeapparat ved 37°C og oppsamlet ved sentrifugering. Cellene ble vasket tre ganger med Ca²⁺-fri HEPES-bufret saltløsning (HBS) etter tilsetning av soyabønne-trypsininhibitor og ble resuspendert i HBS inneholdende 1% BSA. Celleaggregeringsundersøkelsen [Urushihara et al., Dev. Biol., 70:206-216 (1979)] ble utført ved inkubasjon av de resuspenderte celler i en 1:1 blanding av DMEM og HBS inneholdende 1% BSA, 2 mM CaCl₂ og 20 µg/ml deoksyribonuklease, på et rotasjonsristeapparat ved 37°C i 30 minutter til 6 timer.

Pc42- og pc43-transfektantene oppviste ingen signifikant celleaggregeringsaktivitet under inkubasjonsperioder kortere enn 1 time. Dette står i motsetning til celleaggregeringen som forekommer med klassiske cadheriner i lignende eksperimenter (Nagafuchi et al., *supra*, og Hatta et al., *supra*). Forlenget inkubasjon av transfekterte celler (mer enn 1-2 timer) resulterte imidlertid i gradvis reaggregering av cellene i mindre aggregater. Lignende resultater ble erholdt når enkle cellesuspensjoner av transfekterte celler ble preparert ved trypsinbehandling i nærvær av Ca²⁺. Ingen reaggregering ble observert under de samme betingelser når utransfekterte L-celler eller L-celler transfektert med pRC/RSV-vektor alene, ble testet. Når pc43-transfektanter merket med DiO (Molecular Probes, Eugene, OR) ble inkubert med umerkede pc42-transfektanter i celleaggregeringsanalysen, var aggregering av merkede og umerkede celler nesten innbyrdes utelukkende, hvilket indikerer at protocadherinbinding er homofil.

I betraktning av det faktum at de protocadherin-cyto-

plasmatiske domener ikke oppviser noen tilsynelatende homologi med cadherindomener, ble eksperimenter utført for å bestemme hvorvidt forskjellen i cytoplasmatiske domener kunne forklare forskjellen i den observerte celleaggregeringsaktivitet i cadherin- og protocadherintransfektanter. Det cytoplasmatiske domene av pc43 ble erstattet med det cytoplasmatiske domene av E-cadherin, og aggregering av celler transfektert med den kimære konstruksjon, ble analysert.

"Bluescript SK(+)"-klonen beskrevet i eksempel 2 som inneholdt den fullstendige kodingssekvens for pc43, ble spaltet med EcoRV og deretter delvis spaltet med XbaI for å fjerne sekvensen som tilsvarer det cytoplasmatiske domene, og plasmid-DNA ble renset ved agarosegelelektroforese. cDNA som tilsvarer det cytoplasmatiske domene av muse-E-cadherin, ble syntetisert ved hjelp av PCR ved anvendelse av muse-cDNA fremstilt fra muselunge-mRNA som et templat og spesifikke primere tilsvarende et område nær N-terminalen av den cytoplasmatiske domenesekvens eller området inneholdende stoppkodonet for muse-E-cadherin (Nagafuchi et al., *supra*). En XbaI-sekvens ble inkludert i 5'-enden av oppstrøms-primeren. Det E-cadherin-cytoplasmatiske domene-cDNA ble deretter subklonet i den lineariserte pc43-"Bluescript"-klon. DNA inneholdende den resulterende, fullstendige, kimære sekvens, ble utskåret med SpeI og EcoRV og ble subklonet i det SpeI-buttete XbaI-sete av ekspresjonsvektoren pRc/RSV-vektor. Til slutt ble L-celler transfektert med den resulterende konstruksjon ved hjelp av en kalsiumfosfatmetode. Etter screening med G418 i ca. 10 dager ble transfektantene farget med FITC-merket 38I2C-anti-pc43-antistoff og underkastet FACS-analyse. En del av de høymerkede celler ble isolert og klonet. Transfektanter oppviste en morfologi lignende L-stamceller, og det uttrykte protein ble lokalisert på celleperiferien ved anvendelse av pc43-antistoff for immunfluorescensmikroskopi.

Celleaggregeringsaktivitet av de kimære transfektanter ble analysert som følger. De kimære pc43-transfektanter ble merket med DiO i 20 minutter ved romtemperatur. De resulterende celler ble behandlet med trypsin i nærvær av 1 mM EGTA, og en enkeltcellesuspensjon ble preparert. Cellene ble

deretter blandet med en annen type av umerkede transfektanter og inkubert på et rotasjonsristeapparat i 2 timer. Resultatene ble undersøkt med en fluorescens- og en fasekontrastmikroskopapparat. Antistoffinhibering av celleaggregering ble
 5 undersøkt ved inkubasjon av transfektantene i nærvær av polyklonalt anti-pc43-antistoff (100 ng/ml) i standardanalysemediet.

I celleaggregeringsundersøkelsen oppviste de kimære pc43-transfektanter en tydelig Ca^{2+} -avhengig celleaggregering
 10 innen 40 minutters inkubasjon. Celleaggregering ble inhibert ved tilsetning av pc43-spesifikt, polyklonalt antistoff.

Eksempel 9

Prosedyrene ifølge Maruyama et al., J. Biochem.,
 15 95:511-519 (1984), ble anvendt for å bestemme kalsiumbindings-egenskapene til pc43 ved Western blot-analyse i nærvær eller fravær av kalsium-45. Pc43-fusjonsproteinet beskrevet i eksempel 6 inneholdende pc43-subdomener EC-3 til EC-5, ble sammenlignet med kalsiumbindingsproteinet kalmodulin. Prøver av renset pc43-fusjonsprotein ble underkastet SDS/PAGE og elektroforetisk overført til PVDF-membran. Binding av $^{45}\text{Ca}^{2+}$ til pc43-fusjonsproteinet ble påvist ved autoradiografi og ble bestemt
 20 å være nesten like effektiv som binding av $^{45}\text{Ca}^{2+}$ til kalmodulin. I motsetning til dette var det ingen binding av kalsium til renset maltosebindingsprotein som mangler det pc43-ekstra-cellulære domene. Pc43-subdomenene EC-3 til EC-5 inneholder sekvenser som er svært homologe med de antatte Ca^{2+} -bindings-motivene funnet i E-cadherin. [Se Ringwald et al., EMBO J., 6:3647-3653 (1987)].
 25

30

Eksempel 10

Ekspresjonen av mRNA som koder for pc42 og pc43, ble analysert i forskjellige vev og cellelinjer ved hjelp av Northern blot.

35 Totalt RNA ble fremstilt ved hjelp av guanidinisotiocyanatmetoden, og poly(A)+-RNA ble isolert ved anvendelse av et "FastTrack"-sett (Invitrogen). RNA-preparater ble underkastet elektroforese i en 0,8% agarosegel under denaturerende

betingelser og overført til et nitrocellulosefilter ved anvendelse av en kapillärmetode. Northern blot-analyser ble utført i overensstemmelse med metoden ifølge Thomas, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77:5201-5205 (1980). Den siste vask ble utført i 0,2X standard salt-sitratløsning inneholdende 0,1% natriumdodecylsulfat, ved 65°C i 10 minutter.

Protocadherin-mRNA-ekspresjon i vev fra voksne rotter

Totale mRNA-preparater av rottevev inkludert hjerne, hjerte, lever, lunge, hud, nyre og muskel, ble separert elektroforetisk under denaturerende betingelser (10 µg mRNA/felt) og overført til nitrocellulosefiltre. Filtrene ble hybridisert med ³²P-merkede cDNA-fragmenter MOUSE-326 (som tilsvarer EC-4 av humant pc42) og RAT-218 (som tilsvarer EC-5 av humant pc43). mRNA for begge protocadheriner ble i høy grad uttrykt i hjerne. Pc42-proben påviste et hovedbånd med størrelse 7 kb og et mindre bånd med størrelse 4 kb som muligens representerer produktene av alternativ spleising. Pc43-proben hybridiserte med et hovedbånd med størrelse 5 kb og med mindre bånd med mindre størrelser.

Utviklingsekspresjon av protocadherin-mRNA i rottehjerne

For å undersøke den utviklingsmessige regulering av mRNA-ekspresjon av protocadherinene ble hjerne-mRNA fra rotter på embryoniske dager 17 og 20, neonatale dager 5 og 11 og fra voksne rotter, preparert og underkastet Northern blot-analyse som beskrevet ovenfor for andre rottevev. β-aktin ble anvendt som en intern standard. mRNA-nivåer for pc42- og pc43-proteiner økte under embryonisk utvikling av hjernen sammenlignet med β-aktinekspresjon.

Protocadherin-mRNA-ekspresjon i humane cellelinjer

Flere neuron- og gliacellelinjer (inkludert human SK-N-SH-neuroblastom-, human U-251-gliom- og muse-Neuro-2a-neuroblastomcellelinjer) ble analysert ved hjelp av Northern blot ved anvendelse av ³²P-merking for ekspresjon av pc42- og pc43-mRNA. Humane cellelinjer ble probet med HUMAN-42-cDNA-fragmenter (som tilsvarer EC-4 av humant pc42) og HUMAN-43-cDNA-

fragmenter (som tilsvare EC-5 av humant pc43), mens muscellelinjen ble probet med MOUSE-326-cDNA-fragmenter (som tilsvare EC-4 av humant pc42) og RAT-322-cDNA-fragmenter (som tilsvare EC-5 av humant pc43). SK-N-SH-humane neuroblastomceller og U251-humane gliomceller ble funnet å uttrykke pc43-mRNA, og Neuro-2a-museneuroblastomceller ble funnet å uttrykke pc42-mRNA.

Eksempel 11

10 Ekspresjon av pc43-protein i forskjellige vev, ekstrakter og celler ble analysert ved hjelp av Western blot og immunfluorescensmikroskopi.

Ekspresjon i hjertemuskelestrakter fra rotte

15 En ikke-ionisk detergentekstrakt av rotte ble preparert ved nedfrysing av et hjerte i flytende nitrogen etter fjerning, pulverisering i en morter, kort oppmaling i en polytron i 0,5% "Nonidet P40" i [10 mM PIPES (pH 6,8), 50 mM NaCl, 250 mM NH₄SO₄, 300 mM sukrose, 3 mM MgCl₂] og mikrosentrifugering i 15 minutter. Prøver ble separert ved hjelp av SDS/PAGE og elektroforetisk overført til nitrocellulose (Towbin et al., PNAS 76:4350-4354, 1979). To pc43-proteinbånd med molekylvekter på 150 kDa og 140 kDa ble påvist med kanin-polyklonale antistoffer mot pc43 ved hjelp av immunblotmetoden beskrevet i
25 eksempel 7.

Ekspresjon i vevsseksjoner og celler

30 For å bestemme lokaliseringen av protocadherinene i forskjellige vev ble vev fra mennesker og voksne rotter fjernet, inkubert i 30% sukrose i PBS i 30 minutter ved 4°C, innsluttet i OCT-forbindelse ("Tissue-Tek", Elkhart, Indiana) i fryseformer og hurtig nedfrosset. 6 mikroseksjoner ble avkuttet og plassert på dekkglass. Glassene ble deretter vasket med PBS og fiksert i 3% p-formaldehyd i 5 minutter. For å permeabilisere vevsseksjonene ble glassene nedsenket i aceton ved
35 -20°C i 10 minutter og lufttørket. Seksjonene ble blokkert med 2% geiteserum og 1% BSA i PBS i 30 minutter og deretter inkubert med kanin-anti-pc43-polyklonale antisera i 1 time ved

romtemperatur. Seksjonene ble skylt 3 ganger i PBS inneholdende 0,1% BSA og inkubert med et biotinylert anti-kanin (Vector Laboratories, Burlingame, California) i 1% BSA i PBS i 30 minutter. Etter skylling 3 ganger ble streptavidin konjugert med FITC (Vector Laboratories), tilsatt i 30 minutter og på nytt vasket 3 ganger. For kolokaliseringsundersøkelser ble en passende mengde primært antistoff anvendt sammen med et TRITC-konjugert, sekundært antistoff.

10 A. Muskel

Immunlokalisering av pc43 i rottehjertemuskel viser at pc43 er lokalisert i et gjentakende mønster som er i overensstemmelse med at pc43 er assosiert med sarkomerene. Sarkomerer er gjentatte, kontraktile enheter mellom *fascia adherens* i skjelettmuskel og hjertemuskel. Kolokalisering med cytoskjelettproteiner viser at pc43 er til stede på endene av sarkomerene i Z-linjene som er assosiert med desmin og aktinbindingsproteinet vinculin, og alfa-aktinin. De tynne mikrofila-

15 menter mellom Z-linjene. I motsetning til dette er N-cadherin lokalisert i endene av hjertemyocytter ved *fascia adherens*-forbindelsene på seter for mykocyt:myocyt-kontakt. Lokaliseringen av pc43 i hjertemuskel antyder at pc43 kan spille en rolle ved muskelkontraksjon i forankringen av det kontraktile

20 apparat til plasmamembranen.

Lignende lokalisering for pc43 ble observert i rotteskjelettmuskel. Ultrastrukturundersøkelser har vist at dystrofin, genproduktet som mangler ved Duchenne-muskulær dystrofi, er en komponent av sarkolemma [Porter et al., J. Cell. Biol., 117:997-1005 (1992)]. Sarkolemma er forbundet med det kontraktile apparat ved M- og Z-linjene hvor pc 43 er lokalisert.

30

B. Hjerne

Reaktivitet av anti-pc43-polyklonalt antistoff og monoklonalt antistoff 38I2C overfor frosne seksjoner av henholdsvis rotte- og humant cerebellum, viser at hovedsetene for pc43-ekspresjon er lokalisert i Purkinje-celler og granulcellelaget som inneholder et stort antall små neuroner.

C. Placenta

Sterk reaktivitet av monoklonalt antistoff 38I2C med humane syncytiotrofoblaster ble også observert ved utvikling av placenta på et tidlig stadium (5-7-ukers svangerskap). Ekspresjon synes å minske gradvis når stadiet utviklet seg, hvilket indikerer at pc43 kan være involvert ved implantasjonen av befruktede egg i placenta.

D. Neuroblastom- og astrocytomceller

Immuncytokjemisk lokalisering av pc43 i Sk-N-SH-neuroblastomceller og UW28-astrocytomceller ved anvendelse av anti-pc43-antistoffer avslører en punktvis celleoverflatefordeling av pc43, og i noen celler foreligger det en lokalisering ved spissene av utvidelser av neuronale fotutvekster. Ved seter for celle-cellekontakt mellom UW28-astrocytomceller er pc43 organisert i en serie med parallelle linjer. Linjene starter ved kontaktstedet og strekker seg ca. 5 mikron. F-aktinmikrofilamenter ble identifisert med rhodamin-falloidin (Molecular Probes, Eugene, Oregon, som beskrevet av produsenten) som viser at mikrofilamentene i cellen synes å ende i de pc43-lineære strukturer som strekker seg fra kanten av cellen på steder for cellekontakt.

Immunblottingsundersøkelser med pc43-spesifikke antistoffer viser at et protein med en molekylvekt på 140 kDa gjenkjennes i humane Sk-N-SH-neuroblastomceller og i UW28-astrocytomceller.

E. Osteoblaster

Immuncytokjemisk lokalisering av pc43 ved anvendelse av monoklonalt antistoff 38I2C i "tow" humane, osteogene sarkomcellelinjer [SaOS (ATCC HTB 85) og MG-63 (ATCC CRL

1427)] og i kulturer av normale, humane, trabekulære osteo-
 blaster [kultursystem beskrevet i Civitelli et al., J. Clin.
 Invest., 91:1888-1896 (1993)] viste at pc43 uttrykkes i osteo-
 blaster på en lignende måte som observert i UW28-astrocytom-
 5 celler. Ved steder for celle-cellekontakt er pc43 organisert i
 en serie av parallelle linjer som synes å tilsvare aktinspen-
 ningsfibrene. I noen celler synes dessuten pc43 å være lokalis-
 ert ved spissene av celleutvekster som er i kontakt med hver-
 andre. Northern blot-analyse tilveiebringer ytterligere bevis
 10 for at pc43 uttrykkes i normale, humane, trabekulære osteo-
 blaster. En pc43-spesifikk DNA-probe hybridiserte til et
 hovedbånd på 5 kb i prøver av poly-A-mRNA isolert fra normale,
 humane, trabekulære osteoblaster.

15 Eksempel 12

In situ-hybridiseringseksperimenter ved anvendelse av
 protocadherin-spesifikke RNA-prober ble utført på frysesnitt
 av rottevev.

Sense- og antisense-³⁵S-riboprober ble dannet ved
 20 anvendelse av standardprosedyren beskrevet av Promega (Madi-
 son, Wisconsin). Et ca. 400 bp EcoRI-XbaI-fragment av MOUSE-
 326 cDNA-klonen ble anvendt som en pc42-spesifikk probe. Dette
 fragment koder for midten av EC-3 til enden av EC-4 av pc42.
 Et ytterligere 700 bp SmaI-fragment av RAT-218-cDNA-klonen ble
 25 anvendt som en pc43-spesifikk probe. Fragmentet koder for en-
 den av EC-3 til enden av EC-5 av pc43.

Vev fra voksne rotter ble innhøstet og umiddelbart
 omsluttet med OCT-forbindelse ("Tissue-Tek") i fryseformer og
 hurtig nedfrosset i et bad med 95% etanol/tørris. De frosne
 30 blokker ble lagret ved -80°C inntil de ble kuttet. Det ble
 avkuttet vevssnitt med tykkelse 6 mikron ved anvendelse av en
 kryostat (Reichert-Jung, modell nr. 2800 "Frigocut N", Leica,
 Inc., Gilroy, California). Kuttete vevssnitt ble lagret ved
 -80°C.

35 Den anvendte in situ-protokoll var en variasjon av
 protokollen beskrevet av Angerer et al., Methods in Enzymo-
 logic, 152:649-660 (1987). Alle løsninger ble behandlet med
 dietylpyrokarbonat (DEPC, Sigma, St. Louis, Missouri) for å

fjerne RNase-kontaminering. Vevssnittene ble først fiksert i 4% paraformaldehyd ved 4°C i 20 minutter. For å fjerne overskudd av paraformaldehyd og stoppe vevsfikseringen ble strimlene vasket i PBS (fosfatbufret saltløsning), denaturert i en gradert serie av alkoholer (70, 95, 100%) og deretter tørket. For å hindre at vevet løsnet fra glasstrimmelen under *in situ*-prosedyren ble vevssnittene behandlet i en poly-L-lysinløsning (Sigma) ved romtemperatur i 10 minutter. For å denaturere alt RNA i vevet ble snittene plassert i en løsning av 70% formamid/2x SSC (0,15 M NaCl/0,3 M Na-sitrat, pH 7,0) ved 70°C i 2 minutter, hvorefter de ble skylt i avkjølt 2x SSC, dehydrert i en gradert serie av alkoholer og deretter tørket. Etter tørking ble snittene prehybridisert i hybridiseringsbuffer [50% formamid/50 mM DTT (ditiotreitol)/0,3 M NaCl/20 mM Tris, pH 8,0/5 mM EDTA/1X Denhardts (0,02% "Ficoll" type 400/0,02% polyvinylpyrrolidon/0,02% BAS)/10% dekstransulfat] ved den endelige hybridiseringstemperatur i ca. 4 timer. Etter prehybridisering ble ca. 1×10^6 cpm av den egnede riboprobe til-satt til hvert snitt. Snittene ble vanligvis hybridisert ved 45°C over natten (12-16 timer). For å sikre at den observerte hybridisering var spesifikk ble i noen eksperimenter hybridiseringsstringensen økt ved å forhøye hybridiseringstemperaturen til 50°C. Fordi eksperimentene ved både 45°C og 50°C ga sammenlignbare resultater, var den anvendte standard hybridiseringstemperatur 45°C.

For å fjerne overskudd av ikke-hybridisert probe ble snittene underkastet en serie vasketrinn. Snittene ble først skylt i 4X SSC for å fjerne hovedmengden av hybridiseringsløsningen og proben. Deretter ble det utført en 15 minutters vask i 4X SSC/50 mM DTT ved romtemperatur. Vaskinger ved økte stringenser ble også benyttet. En 40 minutters vask i 50% formamid/2X SSC/50 mM DTT ble utført ved 60°C. Fire siste vaskinger ved romtemperatur ble utført i 10 minutter hver: to i 2X SSC og to i 0,1X SSC. De vaskede strimler ble dehydrert i en gradert serie av alkoholer og tørket.

For å visualisere den hybridiserte probe ble strimlene dyppet i "Kodak NTB2" nukleær emulsjon (International Biotechnology, New Haven, Connecticut) som var fortynnet 1:1 i

dH₂O. Når de var tørre, ble strimlene lagret ved 4°C i lystette bokser for den passende eksponeringstid. *In situ*-strimlene ble uavhengig betraktet av to personer og bedømt som positive eller negative med hensyn til hybridiseringssignal.

5 Alle *in situ*-hybridiseringsundersøkelser ble utført på rottevev. Fordi resultater fra Northern blot-eksperimenter (se eksempel 9) indikerte at både pc42 og pc43 ble uttrykt i voksen hjerne, ble *in situ*-hybridiseringsundersøkelser utført for å lokalisere ekspresjonen av disse molekyler til spesi-
10 fikke hjernecelletyper. Den observerte hybridisering i den normale, voksne rottehjerne var spesifikk (ingen bakgrunns-hybridisering ble observert med sense-probene) og ble lokalisert til spesifikke områder i hjernen. Det samlede ekspresjonsmønster observert for pc42 og pc43, var meget likt, og hoved-
15 forskjellen var ekspresjonsnivået. Pc43 synes å bli uttrykt ved et lavere nivå enn pc42. Begge molekyler uttrykkes i germinalcellene og pyramidecellene i hippocampus, Purkinje-celler i cerebellum og neuroner i grå masse. Pc42 uttrykkes dessuten i gliaceller i den hvite masse, men i motsetning til ekspresjonen av pc43 i gliomcellelinjer (som beskrevet i eksempel 9)
20 ble ekspresjon av pc43 i normale gliaceller ikke observert. I ryggmargen uttrykkes begge protocadheriner i motorneuronene i den grå masse, og pc42 uttrykkes i gliacellene i den hvite masse.

25 Når ekspresjon av begge protocadherinmolekyler ble analysert i hjerne og ryggmarg fra rotter med EAE (eksperimentell, allergisk encefalomyelitt) [Vandenbark et al., Cell. Immunol., 12:85-93 (1974)], ble de samme strukturer som beskrevet ovenfor, funnet å være positive. Ekspresjon av pc42
30 ble dessuten observert i de leukocyttiske infiltrater i EAE-vevene. Ekspresjon av pc42 i leukocyttter ble bekreftet ved *in situ*-hybridiseringsanalyse av to leukocyttiske cellelinjer, RBL-1 og y3.

35 Ekspresjon av både protocadherin-42 og -43 ble observert i den utviklende hjerne av rottefostere på alle de testede, embryologiske dager (E15-E19). Protocadherin-43 ble dessuten observert i det utviklende rottehjerte ved alle de testede, embryologiske dager (E13-E19). Dette funn er overens-

stemmende med de immunhistokjemiske resultater som viser protocadherin-43-ekspresjon i voksent hjerte.

For å bestemme mulige roller for protocadheriner ved utviklingen av nervesystemet ble ekspresjonsprofiler av protocadherinmedlemmer i utviklende rottehjerne og voksen rottehjerne også undersøkt ved *in situ*-hybridisering. En serie av koronale, sagittale og horisontale snitt av rottehjerner ved postnatale dager 0, 6, 14, 30 (P0 til P30) og ved 3 måneder (ung voksen) ble hybridisert med merkede cRNA-prober som tilsvarende forskjellige protocadheriner ifølge foreliggende oppfinnelse, inkludert pc42, pc43, RAT-212, RAT-411 og RAT-418. I utviklende hjjerne ble RAT-411 uttrykt ved høye nivåer i neuroner i luktekolben, dvs. mitralceller og periglomerulær-celler. Ekspresjonen av RAT-411-mRNA var forbigående; ekspresjon fremkom ved P0, toppet seg ved P6, avtok ved P14 og var upåviselig ved P30 og i voksen hjjerne. Hos voksne ble pc43-mRNA funnet å bli uttrykt hovedsakelig i Purkinje-celler i cerebellum. Ekspresjonen av pc43-mRNA i Purkinje-celler ble observert fra begynnelsen av Purkinje-celledifferensiering rundt P6. Andre protocadherinmedlemmer ble uttrykt ved meget lave nivåer i forskjellige områder av utviklende og voksne hjerner. Disse resultater indikerer at protocadherinmedlemmer blir forskjellig uttrykt under utviklingen av sentralnervesystemet og antyder at RAT-411 og pc43 har spesielle roller under utviklingen av henholdsvis luktekolbeneuroner og Purkinje-celler.

Eksempel 13

Konvensjonelle immunutfellinger ved anvendelse av pc43-spesifikke, polyklonale antistoffer og monoklonalt antistoff 38I2C ble utført for å identifisere proteiner som reagerte med pc43 i L-celletransfektanter.

pc43- og kimære pc43-transfektanter ble metabolsk merket ved inkubasjon av cellene i Dulbeccos modifiserte Eagles-medium inneholdende [³⁵S]-metionin (50 µCi/ml) over natten. Etter vask ble transfektantene lysert med PBS inneholdende "Triton X 100" og inkubert med anti-pc43-antistoff. Immunkompleksene ble deretter oppsamlet ved anvendelse av pro-

tein A-"Sepharese"-kuler. De resulterende kuler ble vasket fem ganger med en vaskebuffer (50 mM Tris-HCl, pH 8,0, inneholdende 0,5 M NaCl, 0,1% ovalbumin, 0,5% NP-40, 0,5% "Triton X 100" og 1 mM EDTA) ved romtemperatur. Protein ble separert ved
5 hjelp av SDS-PAGE og underkastet autoradiografi.

Det kimære pc43 ble utfelt sammen med 105 kDa- og et 95 kDa-bånd som sannsynligvis tilsvarer henholdsvis α - og β -kateniner, fordi anti- α -katenin- og anti- β -katenin-antistoffer farget sammenlignbare bånd. På den annen side ble pc43 utfelt
10 sammen med et 120 kDa-bånd.

SEKVENSLISTE

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 1:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 17 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: DNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 1:

AARSSNNTNG AYTRYGA

17

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 2:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 17 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: DNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 2:

TTRCTRTTTC GNGGNNV

17

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 3:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 131 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 3:

AAGGGAGTGG ACTTTGAGGA GCAGCCTGAG CTTAGTCTCA TCCTCAGGC TTTGGATGGA

60

GGGACTCCAT CCAGGTCTGG GACTGCATTG GTTCAAGTGG AAGTCATAGA TGCCAATGAC

120

AACGCACOGT A

131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 4:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 43 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

5

(ii) MOLEKYLTYP: protein

10

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 4:

Lys Gly Val Asp Phe Glu Glu Gln Pro Glu Leu Ser Leu Ile Leu Thr
 1 5 10 15

15

Ala Leu Asp Gly Gly Thr Pro Ser Arg Ser Gly Thr Ala Leu Val Gln
 20 25 30

Val Glu Val Ile Asp Ala Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

20

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 5:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 131 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

25

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

30

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 5:

35

AAACGCATGG ATTTCGAGGA GTCTTCCTCC TACCAGATCT ATGTGCAAGC TACTGACCGG 60

GGACCACTAC CCATGGCGGG TCATTGCAAG GTGTGGTGG ACATTATAGA TGTGAACGAC 120

AACCCACCTA A 131

40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 6:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 43 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

45

(ii) MOLEKYLTYP: protein

50

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 6:

55

Lys Ala Met Asp Phe Glu Glu Ser Ser Ser Tyr Gln Ile Tyr Val Gln
 1 5 10 15

Ala Thr Asp Arg Gly Pro Val Pro Met Ala Gly His Cys Lys Val Leu
 20 25 30

Val Asp Ile Ile Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 7:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 131 basepar
- (B) TYPE: nukleinsyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 7:

AAGCGACTGG ACTTTGAGAC CCTGCAGACC TTCGAGTTCA GCGTGGGTGC CACAGACCAT 60
 GGCTCCCCCT CGCTCCGCAG TCAGGCTCTG GTCCGCGTGG TGGTGCTGGA CCACAATGAC 120
 AATGCCCCCA A 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 8:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 43 aminosyrer
- (B) TYPE: aminosyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 8:

Lys Arg Leu Asp Phe Glu Thr Leu Gln Thr Phe Glu Phe Ser Val Gly
 1 5 10 15

Ala Thr Asp His Gly Ser Pro Ser Leu Arg Ser Gln Ala Leu Val Arg
 20 25 30

Val Val Val Leu Asp His Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 9:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 131 basepar
- (B) TYPE: nukleinsyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

5 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 9:

AAGGGCCTGG ATTAAGAGGC ACTGCAGTCC TTCGAGTTCT ACGTGGGCGC TACAGATGGA 60
GGCTCACC CGCTCAGCAG CCAGACTCTG GTGCGGATGG TGGTGCTGGA TGACAACGAC 120
AACGCCCTA A 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 10:

15 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 43 aminosyrer
- (B) TYPE: aminosyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: lineær

20

(ii) MOLEKYLTYP: protein

25 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 10:

Lys Gly Leu Asp Tyr Glu Ala Leu Gln Ser Phe Glu Phe Tyr Val Gly
1 5 10 15

30 Ala Thr Asp Gly Gly Ser Pro Ala Leu Ser Ser Gln Thr Leu Val Arg
20 25 30

Met Val Val Leu Asp Asp Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

35

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 11:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 131 basepar
- (B) TYPE: nukleinsyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: lineær

40

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

45

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 11:

50 AAGGCGTTG ATTTTGAGGA TCAGAGAGAG TTCCAGCTAA CCGTCATAT AAACGACGGA 60
GGTACCCCGG TTTTGGCCAC CAACATCAGC GTGAACATAT TTGTTACTGA CCGCAATGAC 120
AACGCCCGC A 131

55

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 12:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 43 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 12:

Lys Ala Phe Asp Phe Glu Asp Gln Arg Glu Phe Gln Leu Thr Ala His
 1 5 10 15

Ile Asn Asp Gly Gly Thr Pro Val Leu Ala Thr Asn Ile Ser Val Asn
 20 25 30

Ile Phe Val Thr Asp Arg Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 13:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 131 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 13:

AAGGCGGTGG ATTACGAAAT CACCAAGTCC TATGAGATAG ATGTTCAAGC CCAAGATCTG 60

GGTCCCAATT CTATTCCTGC TCATTGCAAA ATTATAATTA AGGTCGTGGA TGTCAACGAC 120

AACGCTCCCA A 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 14:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 43 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 14:

Lys Ala Val Asp Tyr Glu Ile Thr Lys Ser Tyr Glu Ile Asp Val Gln
 1 5 10 15

Ala Gln Asp Leu Gly Pro Asn Ser Ile Pro Ala His Cys Lys Ile Ile
 20 25 30

5 Ile Lys Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 15:

10 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 135 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

15 (ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

20 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 15:

TATGACCATG ATTACGAGAC AACCAAAGAA TATACACTGC GGATCCGGGC CCAGGATGGT 60
 GGCCGGACTC CACTTTCCAA CGTCTCCGGT CTAGTAACCG TGCAGGTCCT AGACATCAAC 120
 25 GACAATGCCC CCCCCA 135

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 16:

30 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 44 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

35 (ii) MOLEKYLTTYPE: protein

40 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 16:

Tyr Asp His Asp Tyr Glu Thr Thr Lys Glu Tyr Thr Leu Arg Ile Arg
 1 5 10 15

45 Ala Gln Asp Gly Gly Arg Thr Pro Leu Ser Asn Val Ser Gly Leu Val
 20 25 30

Thr Val Gln Val Leu Asp Ile Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

50 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 17:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 129 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

55

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

5

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 17:

GGGGGGTGA TTACGAGGAG AACGCCATGT TAGAGATCGA CGTGCAGGCC AGAGACCTAG 60

10 GACCTAAGCC AATTCAGCC CATTGCAAGG TCACAGTCAA GCTCATCGAC CGCAATGATA 120

ACGCCCCCA 129

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 18:

15

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 43 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel

20

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

25

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 18:

Arg Gly Val Asp Tyr Glu Glu Asn Gly Met Leu Glu Ile Asp Val Gln

1 5 10 15

30

Ala Arg Asp Leu Gly Pro Asn Pro Ile Pro Ala His Cys Lys Val Thr

20 25 30

Val Lys Leu Ile Asp Arg Asn Asp Asn Ala Pro

35

35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 19:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

40

(A) LENGDE: 131 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

45

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 19:

50

AAGGGGTTGG ACTACGAAGA CACCAAACTC CATGAGATTT ACATCCAGGC CAAAGACAAA 60

GGTGCCAATC CGGAAGGAGC GCATTGCAAA GTACTGGTAG AGGTGTGGA CTTAACGAC 120

55

AATGCCCTC A 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 20:

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

Lys Gly Leu Asp Phe Glu Gln Val Asp Val Tyr Lys Ile Arg Val Asp

1 5 10 15
 Ala Thr Asp Lys Gly His Pro Pro Met Ala Gly His Cys Thr Val Leu
 20 25 30
 Val Arg Val Leu Asp Glu Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 23:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 134 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 23:

AAGGGTATAG ACTTCGAGCA GATCAAGGAC TTCAGCTTTC AAGTGGGAAGC CCGGGACGCC 60
 GGCAGTCGCC AGCGCTGTC CGGCAACTGC ACTGTCAACA TCTTGATAGT GGATCAGAAC 120
 GACAACGCC CTAA 134

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 24:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 44 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 24:

Lys Gly Ile Asp Phe Glu Gln Ile Lys Asp Phe Ser Phe Gln Val Glu
 1 5 10 15
 Ala Arg Asp Ala Gly Ser Pro Gln Ala Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val
 20 25 30
 Asn Ile Leu Ile Val Asp Gln Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 25:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 134 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

5

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 25:

10 AAGCCGTTTC ACTATGAGCA AACCGCCAAC ACGCTGGCAC AGATTGACGC CGTGCTGGAA 60
AAACAGGGCA GCAATAAATC GAGCATTCTG GATGCCACCA TTTTCCTGGC CGATAAAAAC 120
GACAATGCGC CAGA 134

15 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 26:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 44 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

20 (C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

25

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 26:

30 Lys Pro Phe Asp Tyr Glu Gln Thr Ala Asn Thr Leu Ala Gln Ile Asp
1 5 10 15
Ala Val Leu Glu Lys Gln Gly Ser Asn Lys Ser Ser Ile Leu Asp Ala
20 25 30
35 Thr Ile Phe Leu Ala Asp Lys Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 27:

40

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 131 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

45

(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

50

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 27:

AAGCGGCTGG ATTTGGAACA GTTCCAGCAG CACAAGCTGC TCGTAAGGGC TGTGTGATGA 60
GGAATGCCGC CACTGAGCAG CGATGTGTC GTCACCTGTG ATGTACCCGA CCTCAACGAT 120
55 AAGCGGCCCT A 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 28:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 43 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 28:

Lys Arg Leu Asp Phe Glu Gln Phe Gln Gln His Lys Leu Leu Val Arg
 1 5 10 15

Ala Val Asp Gly Gly Met Pro Pro Leu Ser Ser Asp Val Val Val Thr
 20 25 30

Val Asp Val Thr Asp Leu Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 29:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 131 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 29:

AAGGGGATAG ACTTTGAGAG TGAGAATTAC TATGAATTG ATGTGCGGGC TCGCGATGGG 60

GGTTCTCCAG CCATGGAGCA ACATTGCAGC CTCGAGTGG ATCTGCTGGA CGTAAATGAC 120

AACGCCCCAC T 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 30:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 43 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 30:

Lys Gly Ile Asp Phe Glu Ser Glu Asn Tyr Tyr Glu Phe Asp Val Arg
1 5 10 15

Ala Arg Asp Gly Gly Ser Pro Ala Met Glu Gln His Cys Ser Leu Arg
20 25 30

Val Asp Leu Leu Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

10 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 31:

- (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 131 basepar
(B) TYPE: nukleinsyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 31:

AAGGCATGG ACTTTGAGGC CCGGCGACTG TATTCGCTGA CAGTTCAGGC CACGGACCGA 60
GGCGTGCCCT CGCTCACCGG GCGTGCCGAA GCGCTTATCC AGCTGCTAGA TGTCAACGAC 120
AACGCACCCA T 131

30 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 32:

- (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 43 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 32:

Lys Ala Leu Asp Phe Glu Ala Arg Arg Leu Tyr Ser Leu Thr Val Gln
1 5 10 15

Ala Thr Asp Arg Gly Val Pro Ser Leu Thr Gly Arg Ala Glu Ala Leu
20 25 30

Ile Gln Leu Leu Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 33:

- (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 125 basepar
(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 33:

AAGCCAATTG ATTACGAGGC AACTCCATAC TATAACATGG AAATTGTAGC CACAGACAGC 60
GGAGGTCTTT CGGAAAATG CACTGTGTCT ATACAGGTGG TGGATGTGAA CQACAACGCC 120
CCCAA 125

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 34:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 41 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 34:

Lys Pro Ile Asp Tyr Glu Ala Thr Pro Tyr Tyr Asn Met Glu Ile Val
1 5 10 15
Ala Thr Asp Ser Gly Gly Leu Ser Gly Lys Cys Thr Val Ser Ile Gln
20 25 30
Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 35:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 446 basepar
(B) TYPE: nukleinsyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 35:

AAGCGGGTAG ACTTCGAAAT GTGCAAAGA TTTTACCTTG TGGTGAAGC TAAAGACGGA 60
GGCACCCACG CCTCAGCAC GGCAGCCACT GTCAGCATCG ACCTCAGAG TGTGAATGAT 120
AACCCTCCTC GGTTCAGCCA AGATGCTTAC AGTGCTGTCA TCAGTGAGGA TGCCTTAGAG 180

5
10
GGGACTCTG TCATTCTGCT GATAGCAGAA GATGTGGATA GCAAGCCTAA TGGACAGATT 240
CGGTTTTCCA TCGTGGGTGG AGATAGGGAC AATGAATTG CTGTCGATCC AATCTTGGGA 300
CTTGTGAAAG TTAAGAAGAA ACTGGACCGG GAGCGGGTGT CAGGATACTC CCTGCTCATC 360
CAGGCAGTAG ATAGTGGCAT TCCTGCAATG TCCTCAACGA CAACTGTCAA CATTGATATT 420
TCTGATGTGA ACGACAACGC CCCCCT 446

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 36:

15 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 148 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: linear

20 (ii) MOLEKYLTYP: protein

25 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 36:

Lys Arg Val Asp Phe Glu Met Cys Lys Arg Phe Tyr Leu Val Val Glu
1 5 10 15
Ala Lys Asp Gly Gly Thr Pro Ala Leu Ser Thr Ala Ala Thr Val Ser
30 20 25 30
Ile Asp Leu Thr Asp Val Asn Asp Asn Pro Pro Arg Phe Ser Gln Asp
35 40 45
Val Tyr Asp Ala Val Ile Ser Glu Asp Ala Leu Glu Gly Asp Ser Val
50 55 60
Ile Leu Leu Ile Ala Glu Asp Val Asp Ser Lys Pro Asn Gly Gln Ile
65 70 75 80
Arg Phe Ser Ile Val Gly Gly Asp Arg Asp Asn Glu Phe Ala Val Asp
85 90 95
Pro Ile Leu Gly Leu Val Lys Val Lys Lys Lys Leu Asp Arg Glu Arg
45 100 105 110
Val Ser Gly Tyr Ser Leu Leu Ile Gln Ala Val Asp Ser Gly Ile Pro
115 120 125
Ala Met Ser Ser Thr Thr Thr Val Asn Ile Asp Ile Ser Asp Val Asn
50 130 135 140
Asp Asn Ala Pro
145

55 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 37:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 440 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 37:

AAGGGGGTTG ATTATGAGAC AAACCCACGG CTACGACTGG TGCTACAGGC AGAGAGTGGA 60
 GGAGCCTTTG CTTTCTCGGT GCTGACCCTG ACCCTTCAAG ATGCCAATGA CAATGCTCCC 120
 CGTTTCCTGC AGCCTCACTA CGTGGCTTTC CTGCCAGAGT CCCGACCCTT GGAAGGGCCC 180
 CTGCTGCAGG TGGAGCAGA CGACCTGGAT CAAGGCTCTG GAGGACAGAT CTCCTACAGT 240
 CTGGCTGCAT CCCAGCCAGC ACGGGGCTTG TTCCATGTAG ACCCAGCCAC AGGCACTATC 300
 ACTACCACAG CCATCCTGGA CCGGGAAATC TGGGCTGAAA CACGGCTGGT ACTGATGGCC 360
 ACAGACAGAG GAAGCCCAGC ATTGGTGGGC TCAGCTACCC TGACAGTGAT GGTCACTGAT 420
 ACCAAGGACA ATGCTCCCTT 440

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 38:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 146 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 38:

Lys Gly Val Asp Tyr Glu Thr Asn Pro Arg Leu Arg Leu Val Leu Gln
 1 5 10 15
 Ala Glu Ser Gly Gly Ala Phe Ala Phe Ser Val Leu Thr Leu Thr Leu
 20 25 30
 Gln Asp Ala Asn Asp Asn Ala Pro Arg Phe Leu Gln Pro His Tyr Val
 35 40 45
 Ala Phe Leu Pro Glu Ser Arg Pro Leu Glu Gly Pro Leu Leu Gln Val
 50 55 60
 Glu Ala Asn Asp Leu Asp Gln Gly Ser Gly Gly Gln Ile Ser Tyr Ser
 65 70 75 80

Leu Ala Ala Ser Gln Pro Ala Arg Gly Leu Phe His Val Asp Pro Ala
85 90 95

5 Thr Gly Thr Ile Thr Thr Thr Ala Ile Leu Asp Arg Glu Ile Trp Ala
100 105 110

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

10 Val Gly Ser Ala Thr Leu Thr Val Met Val Ile Asp Thr Asn Asp Asn
130 135 140

Ala Pro
145

15

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 39:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

20

- (A) LENGDE: 124 basepar
- (B) TYPE: nukleinsyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

25

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 39:

30 AAGGTCTCGA TTATGAGGCA ACTCCATATT ATAACGTGGA AATTGTAGCC ACAGATGGTG 60

GGGGCCTTTC AGGAAAATGC ACTGTGGCTA TAGAAGTGGT GGATGTGAAC GACGGCGCTC 120

CAAT 124

35

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 40:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

40

- (A) LENGDE: 41 aminosyrer
- (B) TYPE: aminosyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: protein

45

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 40:

50 Lys Gly Leu Asp Tyr Glu Ala Thr Pro Tyr Tyr Asn Val Glu Ile Val
1 5 10 15

Ala Thr Asp Gly Gly Ala Phe Asp Glu Asn Cys Thr Val Ala Ile Glu
20 25 30

55

Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 41:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 8 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTTYPE: DNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 41:

Asp Xaa Asn Glu Xaa Pro Xaa Phe

1

5

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 42:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 8 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTTYPE: DNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 42:

Asp Xaa Asp Glu Xaa Pro Xaa Phe

1

5

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 43:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 9 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTTYPE: DNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 43:

Asp Xaa Asn Asp Asn Xaa Pro Xaa Phe

1

5

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 44:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 131 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

5

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 44:

10 AAGCGGATGC ATTTTGAAGA CACCAAAC TCATGAGATT ACATCCAGGC CAAAGACAAA 60
GGTGCCAATC CCGAAGGAGC GCATTGCAAA GTACTTGTAG AGTTGTAGA CGTAAACGAC 120
AACGCCCCAG T 131

15

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 45:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

20

(A) LENGDE: 43 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

25

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 45:

30 Leu Arg Met Asp Phe Glu Asp Thr Lys Leu His Glu Ile Tyr Ile Gln
1 5 10 15
Ala Lys Asp Lys Gly Ala Asn Pro Glu Gly Ala His Cys Lys Val Leu
20 25 30
Val Glu Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

35

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 46:

40

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 131 basepar
(B) TYPE: nukleinsyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: linear

45

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

50

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 46:

AAGGCTTTGG ATTACGAGGA TCAGAGAGAG TTCCAAC TAA CAGCTCATAT AAACGACGGA 60
GGTACCCAG TCTTAGCCAC CAACATCAGC GTGAACGTAT TTGTACTGA CCGCAATGAT 120
AACGCCCCCT A 131

55

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 47:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 43 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 47:

Lys Ala Leu Asp Tyr Glu Asp Gln Arg Glu Phe Gln Leu Thr Ala His
 1 5 10 15

Ile Asn Asp Gly Gly Thr Pro Val Leu Ala Thr Asn Ile Ser Val Asn
 20 25 30

Val Phe Val Thr Asp Arg Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 48:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 131 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 48:

AAGCGCTTGG ACTACGAGGA GAGTAACAAT TATGAAATTC ACGTGGATGC TACAGATAAA 60
 GGATACCCAC CTATGGTTGC TCACTGCACC GTACTCGTGG GAATCTTGGA TGAAAATGAC 120
 AACGCACCCA T 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 49:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 43 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 49:

Lys Arg Leu Asp Tyr Glu Glu Ser Asn Asn Tyr Glu Ile His Val Asp
1 5 10 15

5 Ala Thr Asp Lys Gly Tyr Pro Pro Met Val Ala His Cys Thr Val Leu
20 25 30

Val Gly Ile Leu Asp Glu Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

10

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 50:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 131 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: linear

15

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

20

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 50:

25 AAACCGGTGG ACTACGAGAA AGTCAAAGAC TATACCATCG AGATCGTGGC TGTGGATTCC 60

GGCAACCCCTC CACTCTCTAG CACCAACTCC CTCGAAGGTGC AGGTGGTAGA CGTCAACGAT 120

AACGCCCCCTC T 131

30

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 51:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 43 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: linear

35

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

40

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 51:

45

Lys Pro Val Asp Tyr Glu Lys Val Lys Asp Tyr Thr Ile Glu Ile Val
1 5 10 15

Ala Val Asp Ser Gly Asn Pro Pro Leu Ser Ser Thr Asn Ser Leu Lys
20 25 30

50

Val Gln Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

55

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 52:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 111 basepar
(B) TYPE: nukleinsyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

5

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

10

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 52:

AAGCCTTTTG ATTTCGAGGA CACCAAACTC CATGAGATTT ACATCCAGGC CAAAGACAAG 60

GGCGCCAATC CCGAAGGAGC ACATTGCAAA GTGTTGGTGG AGGTTGTGGA TGTGAACGAC 120

15

AATGCCCTC A 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 53:

20

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 43 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

25

(ii) MOLEKYLTYP: protein

30

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 53:

Lys Pro Phe Asp Phe Glu Asp Thr Lys Leu His Glu Ile Tyr Ile Gln
1 5 10 15

35

Ala Lys Asp Lys Gly Ala Asn Pro Glu Gly Ala His Cys Lys Val Leu
20 25 30

Val Glu Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 54:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 122 basepar
(B) TYPE: nukleinsyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

45

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

50

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 54:

55

AAAGGTGTGG ATTACGAGGT GAGTCCAGCG CTGCGACTGG TGCTGCAGGC AGAGAGTCGA 60

GGAGCCTTTG CCTTCACTGT GCTGACCCGT ACCCTGCAAG ATGCCAACGA CAAGCCCCCG 120

AG

122

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 55:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 40 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 55:

Lys Gly Val Asp Tyr Glu Val Ser Pro Arg Leu Arg Leu Val Leu Gln
 1 5 10 15

Ala Glu Ser Arg Gly Ala Phe Ala Phe Thr Val Leu Thr Leu Thr Leu
 20 25 30

Gln Asp Ala Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 56:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 131 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 56:

AAAGGATTG ATTACGAGCA GTGAGAGAC CTACAGCTGT GGGTGACAGC CAGCGACAGC 60

GGGGACCCGC CTCTTAGCAG CAACGTGTCA CTGAGCCTGT TTGTGCTGGA CCAGAACGAC 120

AACGCCCCC T 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 57:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 43 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 57:

5 Lys Gly Ile Asp Tyr Glu Gln Leu Arg Asp Leu Gln Leu Trp Val Thr
 1 5 10 15

Ala Ser Asp Ser Gly Asp Pro Pro Leu Ser Ser Asn Val Ser Leu Ser
 20 25 30

10 Leu Phe Val Leu Asp Gln Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 58:

15 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 125 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

20 (ii) MOLEKYLTYP: cDNA

25 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 58:

AAGGCGGTG ATTTTGAGCG CACATCCTCT TATCAACTCA TCATTCAGGC CACCAATATG 60

GCAGGAATGG CTTCCAATGC TACAGTCAAT ATTCAGATTG TTGATGAAAA CGACAACGCC 120

30 CCCCCA 125

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 59:

35 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 41 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

40 (ii) MOLEKYLTYP: protein

45 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 59:

Lys Ala Val Asp Phe Glu Arg Thr Ser Ser Tyr Gln Leu Ile Ile Gln
 1 5 10 15

50 Ala Thr Asn Met Ala Gly Met Ala Ser Asn Ala Thr Val Asn Ile Gln
 20 25 30

Ile Val Asp Glu Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

55 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 60:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 131 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 60:

AAACGGCTAG ACTTTGAAAA GATACAAAAA TATGTTGTAT GGATAGAGGC CAGACATGGT 60
 GGTTCCTCCTC CTTTCTCCTC TTACGAGAAA CTTGATATAA CAGTATTAGA TGTCACCAT 120
 AACGCGCCTA A 131

(i) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 61:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 43 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 61:

Lys Arg Leu Asp Phe Glu Lys Ile Gln Lys Tyr Val Val Trp Ile Glu
 1 5 10 15
 Ala Arg Asp Gly Gly Phe Pro Pro Phe Ser Ser Tyr Glu Lys Leu Asp
 20 25 30
 Ile Thr Val Leu Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(i) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 62:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 131 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 62:

AAGGGGATCG ATTATGAGAA GGTCAAAGAC TACACCATG AGATTGTGGC TGTGGACTCT 60

GGCAACCCCC CACTCTCCAG CACTAACTCC CTCAGGTGC AGGTGGTGA CGTCAATGAC 120

AACGCACCGT G 131

5 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 63:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 43 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

10 (C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

15

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 63:

20 Lys Gly Ile Asp Tyr Glu Lys Val Lys Asp Tyr Thr Ile Glu Ile Val
1 5 10 15

Ala Val Asp Ser Gly Asn Pro Pro Leu Ser Ser Thr Asn Ser Leu Lys
20 25 30

25 Val Gln Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 64:

30 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 131 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

35 (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

40 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 64:

AAGGGACTCG ACTACGAGGA TCGGCGGGAA TTTGAATTAA CAGTCATAT CAGCGATGGG 60

45 GGCACCCCGG TCCTAGCCAC CAACATCAGC GTGAACATAT TTGTCACTGA TCGCAACGAT 120

AATGCCCCCG T 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 65:

50 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 43 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel

55 (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 65:

5 Lys Gly Leu Asp Tyr Glu Asp Arg Arg Glu Phe Glu Leu Thr Ala His
1 5 10 15

Ile Ser Asp Gly Gly Thr Pro Val Leu Ala Thr Asn Ile Ser Val Asn
20 25 30

10 Ile Phe Val Thr Asp Arg Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 66:

15 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 470 basepar
(B) TYPE: nukleinsyre
(C) TRÅDETHET: enkel
20 (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

25 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 66:

AAGGGTTTGG ACTACGAGAC CACACAGGCC TACCAGCTCA CGGTCAACGC CACAGATCAA 60

30 GACAACACCA GGCTCTGTC CACCTGGCC AACTGGCCA TCATCATCAC AGATGTCCAG 120

GACATGGACC CCATCTTCAT CAACCTGCCT TACAGCACCA ACATCTACGA GCATTCTCCT 180

CCGGGCACGA CGGTGGGCAT CATCACGCC ATAGACCAGG ATCAAGGACG TCCCGGGGC 240

35 ATTGGCTACA CCATCGTTTC AGGGAATACC AACAGCATCT TGGCCCTGGA CTACATCAGC 300

GGAGTGTGA CCTGAATGG CCTGCTGGAC CGGAGAACC CCTGTACAG CCATGGCTTC 360

40 ATCTGACTG TGAAGGGCAC GGAGCTGAAC GATGACCGCA CCCCATCTGA CGCTACAGTC 420

ACCACGACCT TCAATATCCT GGTATTGAC ATCAACGACA ACGCCCCACT 470

45 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 67:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 156 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
(C) TRÅDETHET: enkel
50 (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: protein

55 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 67:

Lys Gly Leu Asp Tyr Glu Thr Thr Gln Ala Tyr Gln Leu Thr Val Asn
1 5 10 15

5 Ala Thr Asp Gln Asp Asn Thr Arg Pro Leu Ser Thr Leu Ala Asn Leu
20 25 30

Ala Ile Ile Ile Thr Asp Val Gln Asp Met Asp Pro Ile Phe Ile Asn
35 40 45

10 Leu Pro Tyr Ser Thr Asn Ile Tyr Glu His Ser Pro Pro Gly Thr Thr
50 55 60

15 Val Arg Ile Ile Thr Ala Ile Asp Gln Asp Gln Gly Arg Pro Arg Gly
65 70 75 80

Ile Gly Tyr Thr Ile Val Ser Gly Asn Thr Asn Ser Ile Phe Ala Leu
85 90 95

20 Asp Tyr Ile Ser Gly Val Leu Thr Leu Asn Gly Leu Leu Asp Arg Glu
100 105 110

Asn Pro Leu Tyr Ser Gly Gly Phe Ile Leu Thr Val Lys Gly Thr Glu
115 120 125

25 Leu Asn Asp Asp Arg Thr Pro Ser Asp Ala Thr Val Thr Thr Thr Phe
130 135 140

30 Asn Ile Leu Val Ile Asp Ile Asn Asp Asn Ala Pro
145 150 155

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 68:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

35 (A) LENGDE: 131 basepar
(B) TYPE: nukleinsyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

40

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 68:

45 AAGGGGGTCG ATTACGAGGT ACTACAGGCC TTGAGITCC ACGTGAGCGC CACAGACCGA 60

GGCTCACCGG GGCTCAGCAG CCAGGCTCTG GTGCGCGTGG TGGTGCTGGA CGACAATGAC 120

AACGCTCCCG T 131

50

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 69:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

55 (A) LENGDE: 43 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

5

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 69:

10

Lys Gly Val Asp Tyr Glu Val Leu Gln Ala Phe Glu Phe His Val Ser
1 5 10 15

Ala Thr Asp Arg Gly Ser Pro Gly Leu Ser Ser Gln Ala Leu Val Arg
20 25 30

15

Val Val Val Leu Asp Asp Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 70:

20

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 131 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

25

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

30

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 70:

AAGGGGCTGG ATTATGAGCA GTTCCAGACC CTACAACCTGG GAGTGACCGC TAGTGACAGT 60

GGAAACCCAC CATTAGAAG CAATATTCA CTGACCCCTT TCGTCTGGA CCAGAATGAT 120

35

AACGCCCAAA A 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 71:

40

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 43 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

45

(ii) MOLEKYLTYP: protein

50

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 71:

Lys Gly Leu Asp Tyr Glu Gln Phe Gln Thr Leu Gln Leu Gly Val Thr
1 5 10 15

55

Ala Ser Asp Ser Gly Asn Pro Pro Leu Arg Ser Asn Ile Ser Leu Thr
20 25 30

Leu Phe Val Leu Asp Gln Asn Asp Asn Ala Pro

35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 72:

5 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 131 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

10

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

15 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 72:

AAGCGGTTG ATTACGAGGA TGTCCAGAAA TACTCGCTGA GCATTAAGGC CCAGGATGGG 60

CGGCCCCCGC TCATCAATTC TTCAGGGGTG GTGTCTGTGC AGGTGCTGGA TGTCAACGAC 120

20

AATGCCCCGG A 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 73:

25 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 43 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

30

(ii) MOLEKYLTTYPE: peptid

35 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 73:

Lys Arg Val Asp Tyr Glu Asp Val Gln Lys Tyr Ser Leu Ser Ile Lys
 1 5 10 15

40 Ala Gln Asp Gly Arg Pro Pro Leu Ile Asn Ser Ser Gly Val Val Ser
 20 25 30

Val Gln Val Leu Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

45

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 74:

50 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 125 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

55

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 74:

AAACCGGTAG ACTTTGAGCT ACAGCAGTTC TATGAAGTAG CTGTGGTGGC TTGGAACCTCT 60
 5 GAGGGATTTC ATGTCAAAG GGTCAATAA GTGCAACTTT TAGATGACAA CGACAATGCC 120
 CCGAT 125

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 75:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 41 aminosyrer
- (B) TYPE: aminosyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 75:

Lys Pro Val Asp Phe Glu Leu Gln Gln Phe Tyr Glu Val Ala Val Val
 1 5 10 15
 Ala Trp Asn Ser Glu Gly Phe His Val Lys Arg Val Ile Lys Val Gln
 20 25 30
 Leu Leu Asp Asp Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 76:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 125 basepar
- (B) TYPE: nukleinsyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 76:

AAGGGATTAG ATTTTGAAAC TTGCCCCATT TACACATTGA TAATACAAGG AACTAACATG 60
 GCTGGTTTGT CCACTAATAC AACGGTTCTA GTTCACTTGC AGGATGAGAA TGATAACGCC 120
 50 CCAAA 125

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 77:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 41 aminosyrer
- (B) TYPE: aminosyre
- (C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

5

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 77:

10 Lys Gly Leu Asp Phe Glu Thr Leu Pro Ile Tyr Thr Leu Ile Ile Gln
 1 5 10 15
 Gly Thr Asn Met Ala Gly Leu Ser Thr Asn Thr Thr Val Leu Val His
 20 25 30
 15 Leu Gln Asp Glu Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 78:

20

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 134 basepar
- (B) TYPE: nukleinsyre
- (C) TRÅDESTHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: linear

25

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

30

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 78:

AAGCGGGCGG ATTCGAGGC GATCCGGGAG TACAGTCTGA GGATCAAAGC GCAGGACGGG 60
 GGGCGGCCTC CCTCAGCAA CACCACGGGC ATGGTCACAG TGCAGGTCTT GGACGTCAAT 120
 35 GACAACGCAC CCTT 134

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 79:

40

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 44 aminosyrer
- (B) TYPE: aminosyre
- (C) TRÅDESTHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: linear

45

(ii) MOLEKYLTYP: protein

50

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 79:

Lys Arg Ala Asp Phe Glu Ala Ile Arg Glu Tyr Ser Leu Arg Ile Lys
 1 5 10 15
 55 Ala Gln Asp Gly Gly Arg Pro Pro Leu Ser Asn Thr Thr Gly Met Val
 20 25 30

Thr Val Gln Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 80:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 131 basepar
- (B) TYPE: nukleinsyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 80:

AAGCGTTGG ATTACGAAA GGCATCGAA TATGAAATCT ATGTTCAAGC CGCTGACAAA 60
GGCGCTGTCC CTATGGCTGG CCATTGCAAA GTCTTGCTGG AGATCGTGA TGTCAACGAC 120
AAGCCCCCT T 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 81:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 43 aminosyrer
- (B) TYPE: aminosyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 81:

Lys Arg Leu Asp Tyr Glu Lys Ala Ser Glu Tyr Glu Ile Tyr Val Gln
1 5 10 15
Ala Ala Asp Lys Gly Ala Val Pro Met Ala Gly His Cys Lys Val Leu
20 25 30
Leu Glu Ile Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 82:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 131 basepar
- (B) TYPE: nukleinsyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 82:

AAGGGGATCC ATTATGACGA TCAGGTCTCT TACACATTAG CAGTAACAGC ACATGACTAT 60
 5 GGCATCCCTC AAAAATCAGA CACTACCTAT TTGGAAATCT TAGTAATTGA TGTTAACGAC 120
 AACGCGCCCC A 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 83:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 43 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 83:

Lys Gly Ile Asp Tyr Glu Asp Gln Val Ser Tyr Thr Leu Ala Val Thr
 1 5 10 15

Ala His Asp Tyr Gly Ile Pro Gln Lys Ser Asp Thr Thr Tyr Leu Glu
 20 25 30

Ile Leu Val Ile Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 84:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 131 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 84:

AAAGGGTTAG ATTTCGAGGG CACTAAAGAT TCAGCOTTTA AANTAGTGGC AGCTGACACA 60
 50 GGGGAAGCCCA GCCTCAACCA GACAGCCCTG GTGAGAGTAG AGCTGGAGGA TGAGAACGAC 120
 AACGCCCCAA T 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 85:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 43 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 85:

Lys Gly Leu Asp Phe Glu Gly Thr Lys Asp Ser Ala Phe Lys Ile Val
1 5 10 15

Ala Ala Asp Thr Gly Lys Pro Ser Leu Asn Gln Thr Ala Leu Val Arg
20 25 30

Val Glu Leu Glu Asp Glu Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 86:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 130 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 86:

AAGGGTGTGG ATTTTGAAG TGTGCGTAGC TACAGGCTGG TTATTCGTGC TCAAGATGGA 60

GGCAGCCCCC CCAGAAGTAA CACCACCCAG CTCTTGGTCA ACGTCATCGA TCGAATGACA 120

ATGCGCCGCT 130

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 87:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 43 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 87:

Lys Gly Val Asp Phe Glu Ser Val Arg Ser Tyr Arg Leu Val Ile Arg
1 5 10 15

Ala Gln Asp Gly Gly Ser Pro Ser Arg Ser Asn Thr Thr Gln Leu Leu
20 25 30

Val Asn Val Ile Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

5 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 88:

- (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 131 basepar
(B) TYPE: nukleinsyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 88:

AAGGGTGTGG ACTTCGAGCT GACACATCTG TATGAGATTT GGATTGAGGC TGCCGATGGA 60
GACACGCCAA GTCTGCGTAG TGTAACCTTT ATAACGCTCA ACGTAACGGA TGCCAATGAC 120
AATGCTCCCA A 131

25 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 89:

- (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 43 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 89:

Lys Gly Val Asp Phe Glu Leu Thr His Leu Tyr Glu Ile Trp Ile Glu
1 5 10 15
Ala Ala Asp Gly Asp Thr Pro Ser Leu Arg Ser Val Thr Leu Ile Thr
20 25 30
Leu Asn Val Thr Asp Ala Asn Asp Asn Ala Pro
35 40

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 90:

- (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 441 basepar
(B) TYPE: nukleinsyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

{xi} SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 90:

```

5  CAAGGCGTTT GATTTTGAAG AGACAAGTAG ATATGTGTTG AGTGTGGAAG CTAACGATGG      60
   AGGAGTACAC ACAGCTCACT GTAATGTTCA AATAGAAATT GTTGACGAGA ATGACAATGC      120
10  CCCAGAGGTG ACATTCATGT CTTTCTCTAA CCAGATTCCA GAGGATTGAG ACCTTGGAAC      180
   TGTAATAGCC CTCATAAAG TCGGAGACAA GGATTCTGGG CAAAATGGCA TGGTGACATG      240
   CTATACTCAG GAAGAAGTTC CTTTCAAATT AGAATCCACC TCGAAGAAATT ATTACAAGCT      300
15  GGTGATTGCT GGAGCCCTAA ACCGGGAGCA GACAGCAGAC TACAACGTCA CAATCATAGC      360
   CACCGACAAG GGCAAACCAAG CCCTTTCTCT CAGGACAAGC ATCACCTGCG ACATCTCCGA      420
20  CATCAACGAT AATGCCCCCG T                                          441

```

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 91:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 146 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

{xi} SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 91:

```

35  Lys Ala Phe Asp Phe Glu Glu Thr Ser Arg Tyr Val Leu Ser Val Glu
     1           5           10          15

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

40  Ile Val Asp Glu Asn Asp Asn Ala Pro Glu Val Thr Phe Met Ser Phe
     35           40           45

   Ser Asn Gln Ile Pro Glu Asp Ser Asp Leu Gly Thr Val Ile Ala Leu
     50           55           60

   Ile Lys Val Arg Asp Lys Asp Ser Gly Gln Asn Gly Met Val Thr Cys
     65           70           75           80

50  Tyr Thr Gln Glu Glu Val Pro Phe Lys Leu Glu Ser Thr Ser Lys Asn
     85           90           95

   Tyr Tyr Lys Leu Val Ile Ala Gly Ala Leu Asn Arg Glu Gln Thr Ala
     100          105          110

55  Asp Tyr Asn Val Thr Ile Ile Ala Thr Asp Lys Gly Lys Pro Ala Leu
     115          120          125

```

Ser Ser Arg Thr Ser Ile Thr Leu His Ile Ser Asp Ile Asn Asp Asn
 130 135 140

5 Ala Pro
 145

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 92:

10 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 131 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

15 (ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

20 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 92:

AACGAGTGG ATTACGAGGC CACTCGGAAT TATAAGCTGA GAGTTAAGGC TACTGATCTT 60
 GGGATTCCAC CGAGATCTTC TAACATGACA CTGTTTATTC ATGTCCTTGA TGTTAACGAC 120
 AACGCTCCCT T 131

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 93:

30 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 43 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

35 (ii) MOLEKYLTTYPE: protein

40 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 93:

Lys Arg Val Asp Tyr Glu Ala Thr Arg Asn Tyr Lys Leu Arg Val Lys
 1 5 10 15

45 Ala Thr Asp Leu Gly Ile Pro Pro Arg Ser Ser Asn Met Thr Leu Phe
 20 25 30

Ile His Val Leu Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro
 35 40

50 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 94:

55 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 4104 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

5 (ix) KARAKTERISTISK TREKK:
 (A) NAVN/NØKKEL: CDS
 (B) LOKALISERING: 495..3572

10 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 94:

	CCTCTATTGG ACATTCTCTT TGGATTGTTT TGCTATAACT TGAAATTGG GATGTCACAA	60
	ACGAAACTGT CATCTGTTTC CGCCAAACTG TGCTTCTGCT AATCTCCAG GCTGGCAGCA	120
15	TTGGAGACTT GCTGACTTCT TTATCCCCC ACTCTTTTCA CCTGAAATTC CTTTCCTTGG	180
	TTTTGCTCTA AGTCTATGCT TTCACTCAGG GGCCAACCAA ATCTCACTGC CTCCTTTTAA	240
20	TCATGAAGCC TTGATCACT GATAGTTCTT TTTATATCTT GAAAAATCAC CCTTCCCACT	300
	ACAGTAATA TTTAGTATCT CTACTCATCT TGGCACTTAC TCACAGCTCC ATAATTCAGT	360
	CGTTTTCGTA CCTCTTCATG GTGATGGGGA GCCCTTTGGA GGTGGTGACT GTGCTTTATA	420
25	CTCCTCATGA TGCTTCACAT GTGGCAGGCG TGGAGTGCOC GGAGGCGGCC CTCCTGATTC	480
	TGGGGCCTCC CAGG ATG GAG CCC CTG AGG CAC AGC CCA GGC CCT GGG GGG	530
	Met Glu Pro Leu Arg His Ser Pro Gly Pro Gly Gly	
30	1 5 10	
	CAA GCG CTA CTG CTG CCC TCC ATG CTG CTA GCA CTG CTG CTC CTG CTG	578
	Gln Arg Leu Leu Leu Pro Ser Met Leu Leu Ala Leu Leu Leu Leu	
	15 20 25	
35	GCT CCA TCC CCA GGC CAC GCC ACT CGG GTA GTG TAC AAG GTG CCG GAG	626
	Ala Pro Ser Pro Gly His Ala Thr Arg Val Val Tyr Lys Val Pro Glu	
	30 35 40	
40	GAA CAG CCA CCC AAC ACC CTC ATT GGG AGC CTC GCA GCC GAC TAT GGT	674
	Glu Gln Pro Pro Asn Thr Leu Ile Gly Ser Leu Ala Ala Asp Tyr Gly	
	45 50 55 60	
	TTT CCA GAT GTG GGG CAC CTG TAC AAG CTA GAG GTG GGT GCC CCG TAC	722
45	Phe Pro Asp Val Gly His Leu Tyr Lys Leu Glu Val Gly Ala Pro Tyr	
	65 70 75	
	CTT CGC GTG GAT GGC AAG ACA GGT GAC ATT TTC ACC ACC GAG ACC TCC	770
	Leu Arg Val Asp Gly Lys Thr Gly Asp Ile Phe Thr Thr Glu Thr Ser	
50	80 85 90	
	ATC GAC CGT GAG GGG CTC CQT GAA TGC CAG AAC CAG CTC CCT GGT GAT	818
	Ile Asp Arg Glu Gly Leu Arg Glu Cys Gln Asn Gln Leu Pro Gly Asp	
	95 100 105	
55	CCC TGC ATC CTG GAG TTT GAG GTA TCT ATC ACA GAC CTC GTG CAG AAT	866
	Pro Cys Ile Leu Glu Phe Glu Val Ser Ile Thr Asp Leu Val Gln Asn	

	110	115	120	
	GCG AGC CCC CGG CTG CTA GAG GGC CAG ATA GAA GTA CAA GAC ATC AAT			914
	Ala Ser Pro Arg Leu Leu Glu Gly Gln Ile Glu Val Gln Asp Ile Asn			
5	135	130	135	140
	GAC AAC ACA CCC AAC TTC GCC TCA CCA GTC ATC ACT CTG GCC ATC CCT			962
	Asp Asn Thr Pro Asn Phe Ala Ser Pro Val Ile Thr Leu Ala Ile Pro			
10		145	150	155
	GAG AAC ACC AAC ATC GGC TCA CTC TTC CCC ATC CCG CTG GCT TCA GAC			1010
	Glu Asn Thr Asn Ile Gly Ser Leu Phe Pro Ile Pro Leu Ala Ser Asp			
	160	165	170	
15	CGT GAT GCT GGT CCC AAC GGT GTG GCA TCC TAT GAG CTG CAG GTG GCA			1058
	Arg Asp Ala Gly Pro Asn Gly Val Ala Ser Tyr Glu Leu Gln Val Ala			
	175	180	185	
	GAG GAC CAG GAG GAG AAG CAA CCA CAG CTC ATT GTG ATG GGC AAC CTG			1106
20	Glu Asp Gln Glu Glu Lys Gln Pro Gln Leu Ile Val Met Gly Asn Leu			
	190	195	200	
	GAC CGT GAG CGC TGG GAC TCC TAT GAC CTC ACC ATC AAG GTG CAG GAT			1154
	Asp Arg Glu Arg Trp Asp Ser Tyr Asp Leu Thr Ile Lys Val Gln Asp			
25	205	210	215	220
	GGC GGC AGC CCC CCA CGC GCC ACG AGT GCC CTG CTG CGT GTC ACC GTG			1202
	Gly Gly Ser Pro Pro Arg Ala Thr Ser Ala Leu Leu Arg Val Thr Val			
	225	230	235	
30	CTT GAC ACC AAT GAC AAC GCC CCC AAG TTT GAG CGG CCC TCC TAT GAG			1250
	Leu Asp Thr Asn Asp Asn Ala Pro Lys Phe Glu Arg Pro Ser Tyr Glu			
	240	245	250	
35	GCC GAA CTA TCT GAG AAT AGC CCC ATA GGC CAC TCG GTC ATC CAG GTG			1298
	Ala Glu Leu Ser Glu Asn Ser Pro Ile Gly His Ser Val Ile Gln Val			
	255	260	265	
	AAG GCC AAT GAC TCA GAC CAA GGT GCC AAT GCA GAA ATC GAA TAC ACA			1346
40	Lys Ala Asn Asp Ser Asp Gln Gly Ala Asn Ala Glu Ile Glu Tyr Thr			
	270	275	280	
	TTC CAC CAG GCG CCC GAA GTT GTG AGG CGT CTT CTT CGA CTG GAC AGG			1394
	Phe His Gln Ala Pro Glu Val Val Arg Arg Leu Leu Arg Leu Asp Arg			
45	285	290	295	300
	AAC ACT GGA CTT ATC ACT GTT CAG GGC CCG GTG GAC CGT GAG GAC CTA			1442
	Asn Thr Gly Leu Ile Thr Val Gln Gly Pro Val Asp Arg Glu Asp Leu			
	305	310	315	
50	AGC ACC CTG CGC TTC TCA GTG CTT GCT AAG GAC CGA GGC ACC AAC CCC			1490
	Ser Thr Leu Arg Phe Ser Val Leu Ala Lys Asp Arg Gly Thr Asn Pro			
	320	325	330	
55	AAG AGT GCC CGT GCC CAG GTG GTT GTG ACC GTG AAG GAC ATG AAT GAC			1538
	Lys Ser Ala Arg Ala Gln Val Val Val Thr Val Lys Asp Met Asn Asp			
	335	340	345	

AAT GCC CCC ACC ATT GAG ATC CGG GGC ATA GGG CTA GTG ACT CAT CAA 1586
Asn Ala Pro Thr Ile Glu Ile Arg Gly Ile Gly Leu Val Thr His Gln
350 355 360

	GAT GGG ATG GCT AAC ATC TCA GAG GAT GTG GCA GAG GAG ACA GCT GTG Asp Gly Met Ala Asn Ile Ser Glu Asp Val Ala Glu Glu Thr Ala Val 365 370 375 380	1634
5	GCC CTG GTG CAG GTG TCT GAC CGA GAT GAG GGA GAG AAT GCA GCT GTC Ala Leu Val Gln Val Ser Asp Arg Asp Glu Gly Glu Asn Ala Ala Val 385 390 395	1682
10	ACC TGT GTG GTG GCA GGT GAT GTG CCC TTC CAG CTG CGC CAG GCC AGT Thr Cys Val Val Ala Gly Asp Val Pro Phe Gln Leu Arg Gln Ala Ser 400 405 410	1730
15	GAG ACA GGC AGT GAC AGC AAG AAG AAG TAT TTC CTG CAG ACT ACC ACC Glu Thr Gly Ser Asp Ser Lys Lys Lys Tyr Phe Leu Gln Thr Thr Thr 415 420 425	1778
20	CCG CTA GAC TAC GAG AAG GTC AAA GAC TAC ACC ATT GAG ATT GTG GCT Pro Leu Asp Tyr Glu Lys Val Lys Asp Tyr Thr Ile Glu Ile Val Ala 430 435 440	1826
25	GTG GAC TCT GGC AAC CCC CCA CTC TCC AGC ACT AAC TCC CTC AAG GTG Val Asp Ser Gly Asn Pro Pro Leu Ser Ser Thr Asn Ser Leu Lys Val 445 450 455 460	1874
30	CAG GTG GTG GAC GTC AAT GAC AAC GCA CCT GTC TTC ACT CAG AGT GTC Gln Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro Val Phe Thr Gln Ser Val 465 470 475	1922
35	ACT GAG GTC GCC TTC CCG GAA AAC AAC AAG CCT GGT GAA GTG ATT GCT Thr Glu Val Ala Phe Pro Glu Asn Asn Lys Pro Gly Glu Val Ile Ala 480 485 490	1970
40	GAG ATC ACT GCC AGT GAT GCT GAC TCT GGC TCT AAT GCT GAG CTG GTT Glu Ile Thr Ala Ser Asp Ala Asp Ser Gly Ser Asn Ala Glu Leu Val 495 500 505	2018
45	TAC TCT CTG GAG CCT GAG CCG GCT GCT AAG GGC CTC TTC ACC ATC TCA Tyr Ser Leu Glu Pro Glu Pro Ala Ala Lys Gly Leu Phe Thr Ile Ser 510 515 520	2066
50	CCC GAG ACT GGA GAG ATC CAG GTG AAG ACA TCT CTG GAT CCG GAA CAG Pro Glu Thr Gly Glu Ile Gln Val Lys Thr Ser Leu Asp Arg Glu Gln 525 530 535 540	2114
55	CGG GAG AGC TAT GAG TTG AAG GTG GTG GCA GCT GAC CGG GGC AGT CCT Arg Glu Ser Tyr Glu Leu Lys Val Val Ala Ala Asp Arg Gly Ser Pro 545 550 555	2162
	AGC CTC CAG GGC ACA GCC ACT GTC CTT GTC AAT GTG CTG GAC TGC AAT Ser Leu Gln Gly Thr Ala Thr Val Leu Val Asn Val Leu Asp Cys Asn 560 565 570	2210
	GAC AAT GAC CCC AAA TTT ATG CTG AGT GGC TAC AAC TTC TCA GTG ATG Asp Asn Asp Pro Lys Phe Met Leu Ser Gly Tyr Asn Phe Ser Val Met 575 580 585	2258
	GAG AAC ATG CCA GCA CTG AGT CCA GTG GGC ATG GTG ACT GTC ATT GAT	2306

5	GGA GAC AAG GGG GAG AAT GCC CAG GTG CAG CTC TCA GTG GAG CAG GAC Gly Asp Lys Gly Glu Asn Ala Gln Val Gln Leu Ser Val Glu Gln Asp 605 610 615 620	2354
10	AAC GGT GAC TTT GTT ATC CAG AAT GGC ACA GGC ACC ATC CTA TCC AGC Asn Gly Asp Phe Val Ile Gln Asn Gly Thr Gly Thr Ile Leu Ser Ser 625 630 635	2402
15	CTG AGC TTT GAT CGA GAG CAA CAA AGC ACC TAC ACC TTC CAG CTG AAG Leu Ser Phe Asp Arg Glu Gln Gln Ser Thr Tyr Thr Phe Gln Leu Lys 640 645 650	2450
20	GCA GTG GAT GGT GGC GTC CCA CCT CGC TCA GCT TAC GTT GGT GTC ACC Ala Val Asp Gly Gly Val Pro Pro Arg Ser Ala Tyr Val Gly Val Thr 655 660 665	2498
25	ATC AAT GTG CTG GAC GAG AAT GAC AAC GCA CCC TAT ATC ACT GCC CCT Ile Asn Val Leu Asp Glu Asn Asp Asn Ala Pro Tyr Ile Thr Ala Pro 670 675 680	2546
30	TCT AAC ACC TCT CAC AAG CTG CTG ACC CCC CAG ACA CGT CTT GGT GAG Ser Asn Thr Ser His Lys Leu Leu Thr Pro Gln Thr Arg Leu Gly Glu 685 690 695 700	2594

	ACG GTC AGC CAG GTG GCA GCC GAG GAC TTT GAC TCT GGT GTC AAT GCC	2642
	Thr Val Ser Gln Val Ala Ala Glu Asp Phe Asp Ser Gly Val Asn Ala	
	705 710 715	
5	GAG CTG ATC TAC AGC ATT GCA GGT GGC AAC CCT TAT GGA CTC TTC CAG	2690
	Glu Leu Ile Tyr Ser Ile Ala Gly Gly Asn Pro Tyr Gly Leu Phe Gln	
	720 725 730	
10	ATT GGG TCA CAT TCA GGT GCC ATC ACC CTG GAG AAG GAG ATT GAG CGG	2738
	Ile Gly Ser His Ser Gly Ala Ile Thr Leu Glu Lys Glu Ile Glu Arg	
	735 740 745	
15	CGC CAC CAT GGG CTA CAC CGC CTG GTG GTG AAG GTC AGT GAC CGC GGC	2786
	Arg His His Gly Leu His Arg Leu Val Val Lys Val Ser Asp Arg Gly	
	750 755 760	
20	AAG CCC CCA CGC TAT GGC ACA GCC TTG GTC CAT CTT TAT GTC AAT GAG	2834
	Lys Pro Pro Arg Tyr Gly Thr Ala Leu Val His Leu Tyr Val Asn Glu	
	765 770 775 780	
25	ACT CTG GCC AAC CGC ACG CTG CTG GAG ACC CTC CTG GGC CAC AGC CTG	2882
	Thr Leu Ala Asn Arg Thr Leu Leu Glu Thr Leu Leu Gly His Ser Leu	
	785 790 795	
30	GAC ACG CCG CTG GAT ATT GAC ATT GCT GGG GAT CCA GAA TAT GAG CGC	2930
	Asp Thr Pro Leu Asp Ile Asp Ile Ala Gly Asp Pro Glu Tyr Glu Arg	
	800 805 810	
35	TCC AAG CAG CGT GGC AAC ATT CTC TTT GGT GTG GTG GCT GGT GTG GTG	2978
	Ser Lys Gln Arg Gly Asn Ile Leu Phe Gly Val Val Ala Gly Val Val	
	815 820 825	
40	GCC GTG GCC TTG CTC ATC GCC CTG GCG GTT CTT GTG CGC TAC TGC AGA	3026
	Ala Val Ala Leu Leu Ile Ala Leu Ala Val Leu Val Arg Tyr Cys Arg	
	830 835 840	
45	CAG CGG GAG GCC AAA AGT GGT TAC CAG GCT GGT AAG AAG GAG ACC AAG	3074
	Gln Arg Glu Ala Lys Ser Gly Tyr Gln Ala Gly Lys Lys Glu Thr Lys	
	845 850 855 860	
50	GAC CTG TAT GCC CCC AAG CCC AGT GGC AAG GCC TCC AAG GGA AAC AAA	3122
	Asp Leu Tyr Ala Pro Lys Pro Ser Gly Lys Ala Ser Lys Gly Asn Lys	
	865 870 875	
55	AGC AAA GGC AAG AAG AGC AAG TCC CCA AAG CCC GTG AAG CCA GTG GAG	3170
	Ser Lys Gly Lys Lys Ser Lys Ser Pro Lys Pro Val Lys Pro Val Glu	
	880 885 890	
60	GAC GAG GAT GAG GCC GGG CTG CAG AAG TCC CTC AAG TTC AAC CTG ATG	3218
	Asp Glu Asp Glu Ala Gly Leu Gln Lys Ser Leu Lys Phe Asn Leu Met	
	895 900 905	
65	AGC GAT GCC CCT GGG GAC AGT CCC CGC ATC CAC CTG CCC CTC AAC TAC	3266
	Ser Asp Ala Pro Gly Asp Ser Pro Arg Ile His Leu Pro Leu Asn Tyr	
	910 915 920	
70	CCA CCA GGC AGC CCT GAC CTG GGC CGC CAC TAT CGC TCT AAC TCC CCA	3314

Pro Pro Gly Ser Pro Asp Leu Gly Arg His Tyr Arg Ser Asn Ser Pro
 925 930 935 940

5 CTG CCT TCC ATC CAG CTG CAG CCC CAG TCA CCC TCA GCC TCC AAG AAG 3362
 Leu Pro Ser Ile Gln Leu Gln Pro Gln Ser Pro Ser Ala Ser Lys Lys
 945 950 955

10 CAC CAG GTG GTA CAG GAC CTG CCA CCT GCA AAC ACA TTC GTG GGC ACC 3410
 His Gln Val Val Gln Asp Leu Pro Pro Ala Asn Thr Phe Val Gly Thr
 960 965 970

15 GGG GAC ACC ACG TCC ACG GGC TCT GAG CAG TAC TCC GAC TAC AGC TAC 3458
 Gly Asp Thr Thr Ser Thr Gly Ser Glu Gln Tyr Ser Asp Tyr Ser Tyr
 975 980 985

CGC ACC AAC CCC CCC AAA TAC CCC AGC AAG CAG GTA GGC CAG CCC TTT 3506
 Arg Thr Asn Pro Pro Lys Tyr Pro Ser Lys Gln Val Gly Gln Pro Phe
 990 995 1000

20 CAG CTC AGC ACA CCC CAG CCC CTA CCC CAC CCC TAC CAC GGA GCC ATC 3554
 Gln Leu Ser Thr Pro Gln Pro Leu Pro His Pro Tyr His Gly Ala Ile
 1005 1010 1015 1020

25 TGG ACC GAG GTG TGG GAG TGATGGAGCA GGTCTACTGT GCCTGCCCGT 3602
 Trp Thr Glu Val Trp Glu
 1025

30 GTTGGGGGCC AGCCTGAGCC AGCAGTGGGA GGTGGGGCCT TAGTGCCCTCA CCGGGCACAC 3662
 GGATTAGGCT CAGTGAAGAT TAAGGGAGGG TGTGCTCTGT GGTCTCCTCC CTGCCCTCTC 3722
 CCCACTGGGG AGAGACCTGT GATTTGCCAA GTCCTGGAC CCTGGACCAG CTACTGGGCC 3782
 TTATGGGTG GGGGTGGTAG GCAGGTGAGC GTAAGTGGG AGGGAATGG GTAAGAAGTC 3842
 TACTCCAAAC CTAGGTCTCT ATGTCAGACC AGACCTAGGT GCTTCTCTAG GAGGGAAACA 3902
 GGGAGACCTG GGGTCTGTG GATAACTGAG TGGGGAGTCT GCCAGGGAG GGCACCTTCC 3962

40 CATTGTGCCT TCTGTGTGTA TTGTGCATTA ACCTCTTCT CACCACTAGG CTTCTGGGGC 4022
 TGGGTCCAC ATGCCCTTGA CCTGACAAAT AAAGTTCTCT ATTTTGGAA AAAAAAAAAA 4082
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 4104

45

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 95:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 1026 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 95:

Met Glu Pro Leu Arg His Ser Pro Gly Pro Gly Gly Gln Arg Leu Leu
 1 5 10 15
 5 Leu Pro Ser Met Leu Leu Ala Leu Leu Leu Leu Ala Pro Ser Pro
 20 25 30
 Gly His Ala Thr Arg Val Val Tyr Lys Val Pro Glu Glu Gln Pro Pro
 35 40 45
 10 Asn Thr Leu Ile Gly Ser Leu Ala Ala Asp Tyr Gly Phe Pro Asp Val
 50 55 60
 Gly His Leu Tyr Lys Leu Glu Val Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Val Asp
 65 70 75 80
 15 Gly Lys Thr Gly Asp Ile Phe Thr Thr Glu Thr Ser Ile Asp Arg Glu
 85 90 95
 20 Gly Leu Arg Glu Cys Gln Asn Gln Leu Pro Gly Asp Pro Cys Ile Leu
 100 105 110
 Glu Phe Glu Val Ser Ile Thr Asp Leu Val Gln Asn Ala Ser Pro Arg
 115 120 125
 25 Leu Leu Glu Gly Gln Ile Glu Val Gln Asp Ile Asn Asp Asn Thr Pro
 130 135 140
 Asn Phe Ala Ser Pro Val Ile Thr Leu Ala Ile Pro Glu Asn Thr Asn
 145 150 155 160
 30 Ile Gly Ser Leu Phe Pro Ile Pro Leu Ala Ser Asp Arg Asp Ala Gly
 165 170 175
 35 Pro Asn Gly Val Ala Ser Tyr Glu Leu Gln Val Ala Glu Asp Gln Glu
 180 185 190
 Glu Lys Gln Pro Gln Leu Ile Val Met Gly Asn Leu Asp Arg Glu Arg
 195 200 205
 40 Trp Asp Ser Tyr Asp Leu Thr Ile Lys Val Gln Asp Gly Gly Ser Pro
 210 215 220
 Pro Arg Ala Thr Ser Ala Leu Leu Arg Val Thr Val Leu Asp Thr Asn
 225 230 235 240
 45 Asp Asn Ala Pro Lys Phe Glu Arg Pro Ser Tyr Glu Ala Glu Leu Ser
 245 250 255
 50 Glu Asn Ser Pro Ile Gly His Ser Val Ile Gln Val Lys Ala Asn Asp
 260 265 270
 Ser Asp Gln Gly Ala Asn Ala Glu Ile Glu Tyr Thr Phe His Gln Ala
 275 280 285
 55 Pro Glu Val Val Arg Arg Leu Leu Arg Leu Asp Arg Asn Thr Gly Leu
 290 295 300

Ile Thr Val Gln Gly Pro Val Asp Arg Glu Asp Leu Ser Thr Leu Arg
 305 310 315 320

5 Phe Ser Val Leu Ala Lys Asp Arg Gly Thr Asn Pro Lys Ser Ala Arg
 325 330 335

Ala Gln Val Val Val Thr Val Lys Asp Met Asn Asp Asn Ala Pro Thr
 340 345 350

10 Ile Glu Ile Arg Gly Ile Gly Leu Val Thr His Gln Asp Gly Met Ala
 355 360 365

Asn Ile Ser Glu Asp Val Ala Glu Glu Thr Ala Val Ala Leu Val Gln
 370 375 380

15 Val Ser Asp Arg Asp Glu Gly Glu Asn Ala Ala Val Thr Cys Val Val
 385 390 395 400

Ala Gly Asp Val Pro Phe Gln Leu Arg Gln Ala Ser Glu Thr Gly Ser
 20 405 410 415

Asp Ser Lys Lys Lys Tyr Phe Leu Gln Thr Thr Thr Pro Leu Asp Tyr
 420 425 430

25 Glu Lys Val Lys Asp Tyr Thr Ile Glu Ile Val Ala Val Asp Ser Gly
 435 440 445

Asn Pro Pro Leu Ser Ser Thr Asn Ser Leu Lys Val Gln Val Val Asp
 450 455 460

30 Val Asn Asp Asn Ala Pro Val Phe Thr Gln Ser Val Thr Glu Val Ala
 465 470 475 480

Phe Pro Glu Asn Asn Lys Pro Gly Glu Val Ile Ala Glu Ile Thr Ala
 35 485 490 495

Ser Asp Ala Asp Ser Gly Ser Asn Ala Glu Leu Val Tyr Ser Leu Glu
 500 505 510

40 Pro Glu Pro Ala Ala Lys Gly Leu Phe Thr Ile Ser Pro Glu Thr Gly
 515 520 525

Glu Ile Gln Val Lys Thr Ser Leu Asp Arg Glu Gln Arg Glu Ser Tyr
 530 535 540

45 Glu Leu Lys Val Val Ala Ala Asp Arg Gly Ser Pro Ser Leu Gln Gly
 545 550 555 560

Thr Ala Thr Val Leu Val Asn Val Leu Asp Cys Asn Asp Asn Asp Pro
 50 565 570 575

Lys Phe Met Leu Ser Gly Tyr Asn Phe Ser Val Met Glu Asn Met Pro
 580 585 590

55 Ala Leu Ser Pro Val Gly Met Val Thr Val Ile Asp Gly Asp Lys Gly
 595 600 605

Glu Asn Ala Gln Val Gln Leu Ser Val Glu Gln Asp Asn Gly Asp Phe
 610 615 620
 Val Ile Gln Asn Gly Thr Gly Thr Ile Leu Ser Ser Leu Ser Phe Asp
 5 625 630 635 640
 Arg Glu Gln Gln Ser Thr Tyr Thr Phe Gln Leu Lys Ala Val Asp Gly
 645 650 655
 10 Gly Val Pro Pro Arg Ser Ala Tyr Val Gly Val Thr Ile Asn Val Leu
 660 665 670
 Asp Glu Asn Asp Asn Ala Pro Tyr Ile Thr Ala Pro Ser Asn Thr Ser
 675 680 685
 15 His Lys Leu Leu Thr Pro Gln Thr Arg Leu Gly Glu Thr Val Ser Gln
 690 695 700
 Val Ala Ala Glu Asp Phe Asp Ser Gly Val Asn Ala Glu Leu Ile Tyr
 20 705 710 715 720
 Ser Ile Ala Gly Gly Asn Pro Tyr Gly Leu Phe Gln Ile Gly Ser His
 725 730 735
 25 Ser Gly Ala Ile Thr Leu Glu Lys Glu Ile Glu Arg Arg His His Gly
 740 745 750

Leu His Arg Leu Val Val Lys Val Ser Asp Arg Gly Lys Pro Pro Arg
 755 760 765
 Tyr Gly Thr Ala Leu Val His Leu Tyr Val Asn Glu Thr Leu Ala Asn
 5 770 775 780
 Arg Thr Leu Leu Glu Thr Leu Leu Gly His Ser Leu Asp Thr Pro Leu
 785 790 795 800
 10 Asp Ile Asp Ile Ala Gly Asp Pro Glu Tyr Glu Arg Ser Lys Gln Arg
 805 810 815
 Gly Asn Ile Leu Phe Gly Val Val Ala Gly Val Val Ala Val Ala Leu
 820 825 830
 15 Leu Ile Ala Leu Ala Val Leu Val Arg Tyr Cys Arg Gln Arg Glu Ala
 835 840 845
 Lys Ser Gly Tyr Gln Ala Gly Lys Lys Glu Thr Lys Asp Leu Tyr Ala
 20 850 855 860
 Pro Lys Pro Ser Gly Lys Ala Ser Lys Gly Asn Lys Ser Lys Gly Lys
 865 870 875 880
 25 Lys Ser Lys Ser Pro Lys Pro Val Lys Pro Val Glu Asp Glu Asp Glu
 885 890 895
 Ala Gly Leu Gln Lys Ser Leu Lys Phe Asn Leu Met Ser Asp Ala Pro
 900 905 910
 30 Gly Asp Ser Pro Arg Ile His Leu Pro Leu Asn Tyr Pro Pro Gly Ser
 915 920 925
 Pro Asp Leu Gly Arg His Tyr Arg Ser Asn Ser Pro Leu Pro Ser Ile
 35 930 935 940
 Gln Leu Gln Pro Gln Ser Pro Ser Ala Ser Lys Lys His Gln Val Val
 945 950 955 960
 40 Gln Asp Leu Pro Pro Ala Asn Thr Phe Val Gly Thr Gly Asp Thr Thr
 965 970 975
 Ser Thr Gly Ser Glu Gln Tyr Ser Asp Tyr Ser Tyr Arg Thr Asn Pro
 980 985 990
 45 Pro Lys Tyr Pro Ser Lys Gln Val Gly Gln Pro Phe Gln Leu Ser Thr
 995 1000 1005
 Pro Gln Pro Leu Pro His Pro Tyr His Gly Ala Ile Trp Thr Glu Val
 50 1010 1015 1020
 Trp Glu
 1025
 55

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 4705 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

5

(ii) MOLEKYLTYPE: cDNA

(ix) KARAKTERISTISK TREKK:

- (A) NAVN/NØKKEL: CDS
 (B) LOKALISERING: 115..2827

10

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 96:

CGAAAGCCAT GTCGACTCG TCGCCAGCG CCCAAGCGCT AACCGCTGA AAGTTTCTCA 60

GCGAAATCTC AGGACGATC TGGACCCCGC TGAGAGGAAC TGCTTTTGAG TGAG ATG 117

20

Met

1

GTC CCA GAG GCC TGG AGG AGC GGA CTG GTA AGC ACC GGG AGG GTA GTG 165

Val Pro Glu Ala Trp Arg Ser Gly Leu Val Ser Thr Gly Arg Val Val

25

5

10

15

	GGA GTT TTG CTT CTG CTT GGT GCC TTG AAC AAG GCT TCC ACG GTC ATT	213
	Gly Val Leu Leu Leu Leu Gly Ala Leu Asn Lys Ala Ser Thr Val Ile	
	20 25 30	
5	CAC TAT GAG ATC CCG GAG GAA AGA GAG AAG GGT TTC GCT GTG GGC AAC	261
	His Tyr Glu Ile Pro Glu Glu Arg Glu Lys Gly Phe Ala Val Gly Asn	
	35 40 45	
10	GTG GTC CCG AAC CTT GGT TTG GAT CTC GGT AGC CTC TCA GCC CGC AGG	309
	Val Val Ala Asn Leu Gly Leu Asp Leu Gly Ser Leu Ser Ala Arg Arg	
	50 55 60 65	
15	TTC CCG GTG GTG TCT GGA GCT AGC CGA AGA TTC TTT GAG GTG AAC CCG	357
	Phe Pro Val Val Ser Gly Ala Ser Arg Arg Phe Phe Glu Val Asn Arg	
	70 75 80	
20	GAG ACC GGA GAG ATG TTT GTG AAC GAC CGT CTG GAT CGA GAG GAG CTG	405
	Glu Thr Gly Glu Met Phe Val Asn Asp Arg Leu Asp Arg Glu Glu Leu	
	85 90 95	
25	TGT GGG ACA CTG CCC TCT TGC ACT GTA ACT CTG GAG TTG GTA GTG GAG	453
	Cys Gly Thr Leu Pro Ser Cys Thr Val Thr Leu Glu Leu Val Val Glu	
	100 105 110	
30	AAC CCG CTG GAG CTG TTC AGC GTG GAA GTG GTG ATC CAG GAC ATC AAC	501
	Asn Pro Leu Glu Leu Phe Ser Val Glu Val Val Ile Gln Asp Ile Asn	
	115 120 125	
35	GAC AAC AAT CCT GCT TTC CCT ACC CAG GAA ATG AAA TTG GAG ATT AGC	549
	Asp Asn Asn Pro Ala Phe Pro Thr Gln Glu Met Lys Leu Glu Ile Ser	
	130 135 140 145	
40	GAG GCC GTG GCT CCG GGG ACG CGC TTT CCG CTC GAG AGC GCG CAC GAT	597
	Glu Ala Val Ala Pro Gly Thr Arg Phe Pro Leu Glu Ser Ala His Asp	
	150 155 160	
45	CCC GAT CTG GGA AGC AAC TCT TTA CAA ACC TAT GAG CTG AGC CGA AAT	645
	Pro Asp Leu Gly Ser Asn Ser Leu Gln Thr Tyr Glu Leu Ser Arg Asn	
	165 170 175	
50	GAA TAC TTT GCG CTT CGC GTG CAG ACG CGG GAG GAC AGC ACC AAG TAC	693
	Glu Tyr Phe Ala Leu Arg Val Gln Thr Arg Glu Asp Ser Thr Lys Tyr	
	180 185 190	
55	CCG GAG CTG GTG TTG GAG CGC GCC CTG GAC CGA GAA CGG GAG CCT AGT	741
	Ala Glu Leu Val Leu Glu Arg Ala Leu Asp Arg Glu Arg Glu Pro Ser	
	195 200 205	
60	CTC CAG TTA GTG CTG ACG GCG TTG GAC GGA GGG ACC CCA GCT CTC TCC	789
	Leu Gln Leu Val Leu Thr Ala Leu Asp Gly Gly Thr Pro Ala Leu Ser	
	210 215 220 225	
65	GCC AGC CTG CCT ATT CAC ATC AAG GTG CTG GAC GCG AAT GAC AAT GCG	837
	Ala Ser Leu Pro Ile His Ile Lys Val Leu Asp Ala Asn Asp Asn Ala	
	230 235 240	
70	CCT GTC TTC AAC CAG TCC TTG TAC CGG GCG CGC GTT CCT GGA GGA TGC	885

	Pro Val Phe Asn Gln Ser Leu Tyr Arg Ala Arg Val Pro Gly Gly Cys	
	245 250 255	
5	ACC TCC GGC ACG CGC GTG GTA CAA GTC CTT GCA ACG GAT CTG GAT GAA Thr Ser Gly Thr Arg Val Val Gln Val Leu Ala Thr Asp Leu Asp Glu	933
	260 265 270	
10	GGC CCC AAC GGT GAA ATT ATT TAC TCC TTC GGC AGC CAC AAC CGC GCC Gly Pro Asn Gly Glu Ile Ile Tyr Ser Phe Gly Ser His Asn Arg Ala	981
	275 280 285	
15	GGC GTG CCG CAA CTA TTC GCC TTA GAC CTT GTA ACC GGG ATG CTG ACA Gly Val Arg Gln Leu Phe Ala Leu Asp Leu Val Thr Gly Met Leu Thr	1029
	290 295 300 305	
	ATC AAG GGT CCG CTG GAC TTC GAG GAC ACC AAA CTC CAT GAG ATT TAC Ile Lys Gly Arg Leu Asp Phe Glu Asp Thr Lys Leu His Glu Ile Tyr	1077
	310 315 320	
20	ATC CAG GCC AAA GAC AAG GGC GCC AAT CCC GAA GGA GCA CAT TGC AAA Ile Gln Ala Lys Asp Lys Gly Ala Asn Pro Glu Gly Ala His Cys Lys	1125
	325 330 335	
25	GTG TTG GTG GAG GTT GTG GAT GTG AAT GAC AAC GCC CCG GAG ATC ACA Val Leu Val Glu Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro Glu Ile Thr	1173
	340 345 350	

	GTC ACC TCC GTG TAC AGC CCA GTA CCC GAG GAT GCC TCT GGG ACT GTC	1221
	Val Thr Ser Val Tyr Ser Pro Val Pro Glu Asp Ala Ser Gly Thr Val	
	355 360 365	
5	ATC GCT TTG CTC AGT GTG ACT GAC CTG GAT GCT GGC GAG AAC GGG CTG	1269
	Ile Ala Leu Leu Ser Val Thr Asp Leu Asp Ala Gly Glu Asn Gly Leu	
	370 375 380 385	
10	GTG ACC TGC GAA GTT CCA CCG GGT CTC CCT TTC AGC CTT ACT TCT TCC	1317
	Val Thr Cys Glu Val Pro Pro Gly Leu Pro Phe Ser Leu Thr Ser Ser	
	390 395 400	
15	CTC AAG AAT TAC TTC ACT TTG AAA ACC AGT GCA GAC CTG GAT CGG GAG	1365
	Leu Lys Asn Tyr Phe Thr Leu Lys Thr Ser Ala Asp Leu Asp Arg Glu	
	405 410 415	
20	ACT GTG CCA GAA TAC AAC CTC AGC ATC ACC GCC CGA GAC GCC GGA ACC	1413
	Thr Val Pro Glu Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala Arg Asp Ala Gly Thr	
	420 425 430	
	CCT TCC CTC TCA GCC CTT ACA ATA GTG CGT GTT CAA GTG TCC GAC ATC	1461
	Pro Ser Leu Ser Ala Leu Thr Ile Val Arg Val Gln Val Ser Asp Ile	
	435 440 445	
25	AAT GAC AAC CCT CCA CAA TCT TCT CAA TCT TCC TAC GAC GTT TAC ATT	1509
	Asn Asp Asn Pro Pro Gln Ser Ser Gln Ser Ser Tyr Asp Val Tyr Ile	
	450 455 460 465	
30	GAA GAA AAC AAC CTC CCC GGG GCT CCA ATA CTA AAC CTA AGT GTC TGG	1557
	Glu Glu Asn Asn Leu Pro Gly Ala Pro Ile Leu Asn Leu Ser Val Trp	
	470 475 480	
35	GAC CCC GAC GCC CCG CAG AAT GCT CGG CTT TCT TTC TTT CTC TTG GAG	1605
	Asp Pro Asp Ala Pro Gln Asn Ala Arg Leu Ser Phe Phe Leu Leu Glu	
	485 490 495	
40	CAA GGA GCT GAA ACC GGG CTA GTG GGT CGC TAT TTC ACA ATA AAT CGT	1653
	Gln Gly Ala Glu Thr Gly Leu Val Gly Arg Tyr Phe Thr Ile Asn Arg	
	500 505 510	
	GAC AAT GCC ATA GTG TCA TCC TTA GTG CCC CTA GAC TAT GAG GAT CGG	1701
	Asp Asn Gly Ile Val Ser Ser Leu Val Pro Leu Asp Tyr Glu Asp Arg	
	515 520 525	
45	CGG GAA TTT GAA TTA ACA GCT CAT ATC AGC GAT GGG GGC ACC CCG GTC	1749
	Arg Glu Phe Glu Leu Thr Ala His Ile Ser Asp Gly Gly Thr Pro Val	
	530 535 540 545	
50	CTA GCC ACC AAC ATC AGC GTG AAC ATA TTT GTC ACT GAT CGC AAT GAC	1797
	Leu Ala Thr Asn Ile Ser Val Asn Ile Phe Val Thr Asp Arg Asn Asp	
	550 555 560	
55	AAT GCC CCC CAG GTC CTA TAT CCT CGG CCA GGT GGG AQC TCG GTG GAG	1845
	Asn Ala Pro Gln Val Leu Tyr Pro Arg Pro Gly Gly Ser Ser Val Glu	
	565 570 575	
	ATG CTG CCT CGA GGT ACC TCA GCT GGC CAC CTA GTG TCA CGG GTG GTA	1893

Met Leu Pro Arg Gly Thr Ser Ala Gly His Leu Val Ser Arg Val Val
580 585 590

5	GGC TGG GAC GCG GAT GCA GGG CAC AAT ACC GGC CTC TCC TAC AGT CTC Gly Trp Asp Ala Asp Ala Gly His Asn Ala Trp Leu Ser Tyr Ser Leu 595 600 605	1941
10	TTT GGA TCC CCT AAC CAG AGC CTT TTT GCC ATA GGG CTG CAC ACT GGT Phe Gly Ser Pro Asn Gln Ser Leu Phe Ala Ile Gly Leu His Thr Gly 610 615 620 625	1989
15	CAA ATC AGT ACT GCC CGT CCA GTC CAA GAC ACA GAT TCA CCC AGG CAG Gln Ile Ser Thr Ala Arg Pro Val Gln Asp Thr Asp Ser Pro Arg Gln 630 635 640	2037
20	ACT CTC ACT GTC TTG ATC AAA GAC AAT GGG GAG CCT TCG CTC TCC ACC Thr Leu Thr Val Leu Ile Lys Asp Asn Gly Glu Pro Ser Leu Ser Thr 645 650 655	2085
25	ACT GCT ACC CTC ACT GTG TCA GTA ACC GAG GAC TCT CCT GAA GCC CGA Thr Ala Thr Leu Thr Val Ser Val Thr Glu Asp Ser Pro Glu Ala Arg 660 665 670	2113
30	GCC GAG TTC CCC TCT GGC TCT GCC CCC CGG GAG CAG AAA AAA AAT CTC Ala Glu Phe Pro Ser Gly Ser Ala Pro Arg Glu Gln Lys Lys Asn Leu 675 680 685	2181

	ACC TTT TAT CTA CTT CTT TCT CTA ATC CTG GTT TCT GTG GGC TTC GTG	2229
	Thr Phe Tyr Leu Leu Leu Ser Leu Ile Leu Val Ser Val Gly Phe Val	
	690 695 700 705	
5	GTC ACA GTG TTC GGA GTA ATC ATA TTC AAA GTT TAC AAG TGG AAG CAG	2277
	Val Thr Val Phe Gly Val Ile Ile Phe Lys Val Tyr Lys Trp Lys Gln	
	710 715 720	
10	TCT AGA GAC CTA TAC CGA GCC CCG GTG AGC TCA CTG TAC CGA ACA CCA	2325
	Ser Arg Asp Leu Tyr Arg Ala Pro Val Ser Ser Leu Tyr Arg Thr Pro	
	725 730 735	
15	GGG CCC TCC TTG CAC GCG GAC GCC GTG CCG GGA GGC CTG ATG TCG CCG	2373
	Gly Pro Ser Leu His Ala Asp Ala Val Arg Gly Gly Leu Met Ser Pro	
	740 745 750	
20	CAC CTT TAC CAT CAG GTG TAT CTC ACC ACG GAC TCC CGC CGC AGC GAC	2421
	His Leu Tyr His Gln Val Tyr Leu Thr Thr Asp Ser Arg Arg Ser Asp	
	755 760 765	
	COG CTG CTG AAG AAA CCT GGT GCA GCC AGT CCA CTG GCC AGC CGC CAG	2469
	Pro Leu Leu Lys Lys Pro Gly Ala Ala Ser Pro Leu Ala Ser Arg Gln	
	770 775 780 785	
25	AAC ACG CTG CCG AGC TGT GAT CCG GTG TTC TAT AGG CAG GTG TTG GGT	2517
	Asn Thr Leu Arg Ser Cys Asp Pro Val Phe Tyr Arg Gln Val Leu Gly	
	790 795 800	
30	GCA GAG AGC GCC CCT CCC GGA CAG CAA GCC CCG CCC AAC ACG GAC TGG	2565
	Ala Glu Ser Ala Pro Pro Gly Gln Gln Ala Pro Pro Asn Thr Asp Trp	
	805 810 815	
35	CGT TTC TCT CAG GCC CAG AGA CCC GGC ACC AGC GGC TCC CAA AAT GGC	2613
	Arg Phe Ser Gln Ala Gln Arg Pro Gly Thr Ser Gly Ser Gln Asn Gly	
	820 825 830	
40	GAT GAC ACC GGC ACC TGG CCC AAC AAC CAG TTT GAC ACA GAG ATG CTG	2661
	Asp Asp Thr Gly Thr Trp Pro Asn Asn Gln Phe Asp Thr Glu Met Leu	
	835 840 845	
	CAA GCC ATG ATC TTG GCG TCC GCC AGT GAA GCT GCT GAT GGG AGC TCC	2709
	Gln Ala Met Ile Leu Ala Ser Ala Ser Glu Ala Ala Asp Gly Ser Ser	
	850 855 860 865	
45	ACC CTG GGA GGG GGT GCC GGC ACC ATG GGA TTG AGC GCC CGC TAC GGA	2757
	Thr Leu Gly Gly Gly Ala Gly Thr Met Gly Leu Ser Ala Arg Tyr Gly	
	870 875 880	
50	CCC CAG TTC ACC CTG CAG CAC GTG CCC GAC TAC CGC CAG AAT GTC TAC	2805
	Pro Gln Phe Thr Leu Gln His Val Pro Asp Tyr Arg Gln Asn Val Tyr	
	885 890 895	
55	ATC CCA GGC AGC AAT GCA CAC T GACCAACGCA GCTGGCAAGC GGATGGCAAG	2857
	Ile Pro Gly Ser Asn Ala His	
	900	
	GCCACGAGG TGCCAATGGC AACAAAGAAG AGTCGSCAAG AAGGAGAAGA AGTAACATGG	2917

	AGGCCAGGCC AAGAGCCACA GGGCAGCCTC TCCCCGAACC AGCCCAGCTT CTCCTTACCT	2977
5	GCACCCAGGC CTCAGAGTTT CAGGGCTAAC CCCAGAATA CTGGTAGGGG CCAAGGCATC	3037
	TCCCTTGGAA ACAGAAACAA GTGCCATCAC ACCATCCCTT CCCAGGTGT AATATCCAAA	3097
	GCAGTTCGCG TGGGAACCCC ATCCAATCAG TGGCTGTACC CATTGGGTA GTGGGGTTCA	3157
10	TGTAGACACC AAGAACCATT TGCCACACCC CGTTTAGTTA CAGCTGAACC CTCATCTTC	3217
	CAAATCAATC AGGCCATCC ATCCCATGCC TCCCTCCTCC CCACCCCACT CCAACAGTTC	3277
15	CTCTTCCCG AGTAAGGTGG TTGGGGTGTT GAAGTACCAA GTAACTACA AGCCTCCTAG	3337
	TTCTGAAAG TTGGAAGGC ATCATGACCT CTGGCCTCT CTTTGATTTC TCAATCTTC	3397
	CCCAAAGCAT GGTTTGGTGC CAGCCCCCTC ACCTCCTTCC AGAGCCCAAG ATCAATGCTC	3457
20	AAGTTTGGGA GGACATGATC ACCATCCCCA TGGTACTGAT GCTTGCTGGA TTTAGGGAGG	3517
	GCATTTTCTT ACCAAGCCTC TTCCCAACGC CCTGGGACCA GTCTTCTGTT TTGTTTTTCA	3577
25	TTGTTTGAGC TTTCCTGTC ATGCCTTGAC TCCCCCACC TCCTCCTCAA ACAAGAGACT	3637
	CCACTGCATG TTCCAAGACA GTATGGGGTG GTAAGATAAG GAAGGGAAGT GTGTGGATGT	3697
	GGATGGTGGG GGCATGGACA AAGCTTGACA CATCAAGTTA TCAAGGCCTT GGAGGAGGCT	3757
30	CTGTATGTCC TCAGGGGACT GACAACATCC TCCAGATTCC AGCCATAAAC CAATAACTAG	3817
	GCTGGACCTT TCCCACTACA TAATAGGGCT CAGCCAGGCA GCCAGCTTTG GGCTGAGCTA	3877
35	ACAGGACCAA TGGATTAACT GGCATTTTCA TCCAAGGAAG CTGAAGCAG GTTTAGGACC	3937
	AGGTCCCTT GAGAGGTCAG AGGGGCCTCT GTGGGTGCTG GGTACTCCAG AGGTGCCACT	3997
	GGTGAAGGG TCAGCGGAGC CCCAGCAGGA AGGGTGGGCC AGCCAGGCCA TTCTTAGTCC	4057
40	CTGGGTGGG GAGGCAGGGA GCTAGGGCAG GGACCAATG AACAGAAAGT CTCAGCCCAG	4117
	GATGGGGCTT CTCAACAGG CCGCTGCCCT CCTGAAGCCT CAGTCCTTCA CCTTGCCAGG	4177
45	TGCCGTTTCT CTTCGTGAA GGCCACTGCC CAGGTCCCCA GTGCGCCCCC TAGTGGCCAT	4237
	AGCCTGGTTA AAGTTCCCCA GTGCCTCCTT GTGATAGACC TTCTTCTCCC ACCCCCTTCT	4297
	GCCCCTGGT CCCCAGCCAT CCAGCGGGGC TGCCAGAGAA CCCCAGACCT GCCCTTACAG	4357
50	TAGTGTAGCG CCCCCCTCCT CTTCGGCTG GTGTAGAATA GCCAGTAGTG TAGTGCGGTG	4417
	TGCTTTTACG TGATGGCGGG TGGGCAGCG GCGCGGCGT CCGGCAGGCC GTCTGTCTT	4477
55	GATCTGCCCG CGGCGGCCG TGTTGTGTTT TGTGCTGTGT CCAGCGCTAA GGCAGCCCCC	4537
	TCCCCGTAC TGACTTCTCC TATAAGCGCT TCTCTTGCA TAGTCACTA GTCCTCACCC	4597

CACCCCTCTTC CTGTGTCTCA CGCAAGTTTT ATACTCTAAT ATTATATGG CTTTTTTTCT 4657

TCGACAAAAA AATAATAAAA CGTTTCTTCT GAAAAAAAAA AAAAAAAAA 4705

5

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 97:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 904 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(D) TOPOLOGI: linear

10

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

15

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 97:

Met Val Pro Glu Ala Trp Arg Ser Gly Leu Val Ser Thr Gly Arg Val
1 5 10 15

20

Val Gly Val Leu Leu Leu Gly Ala Leu Asn Lys Ala Ser Thr Val
20 25 30

Ile His Tyr Glu Ile Pro Glu Glu Arg Glu Lys Gly Phe Ala Val Gly
35 40 45

25

Asn Val Val Ala Asn Leu Gly Leu Asp Leu Gly Ser Leu Ser Ala Arg
50 55 60

30

Arg Phe Pro Val Val Ser Gly Ala Ser Arg Arg Phe Phe Glu Val Asn
65 70 75 80

Arg Glu Thr Gly Glu Met Phe Val Asn Asp Arg Leu Asp Arg Glu Glu
85 90 95

35

Leu Cys Gly Thr Leu Pro Ser Cys Thr Val Thr Leu Glu Leu Val Val
100 105 110

Glu Asn Pro Leu Glu Leu Phe Ser Val Glu Val Val Ile Gln Asp Ile
115 120 125

40

Asn Asp Asn Asn Pro Ala Phe Pro Thr Gln Glu Met Lys Leu Glu Ile
130 135 140

45

Ser Glu Ala Val Ala Pro Gly Thr Arg Phe Pro Leu Glu Ser Ala His
145 150 155 160

Asp Pro Asp Leu Gly Ser Asn Ser Leu Gln Thr Tyr Glu Leu Ser Arg
165 170 175

50

Asn Glu Tyr Phe Ala Leu Arg Val Gln Thr Arg Glu Asp Ser Thr Lys
180 185 190

Tyr Ala Glu Leu Val Leu Glu Arg Ala Leu Asp Arg Glu Arg Glu Pro
195 200 205

55

Ser Leu Gln Leu Val Leu Thr Ala Leu Asp Gly Gly Thr Pro Ala Leu
210 215 220

Ser Ala Ser Leu Pro Ile His Ile Lys Val Leu Asp Ala Asn Asp Asn
 225 230 235 240

5 Ala Pro Val Phe Asn Gln Ser Leu Tyr Arg Ala Arg Val Pro Gly Gly
 245 250 255

Cys Thr Ser Gly Thr Arg Val Val Gln Val Leu Ala Thr Asp Leu Asp
 260 265 270

10 Glu Gly Pro Asn Gly Glu Ile Ile Tyr Ser Phe Gly Ser His Asn Arg
 275 280 285

15 Ala Gly Val Arg Gln Leu Phe Ala Leu Asp Leu Val Thr Gly Met Leu
 290 295 300

Thr Ile Lys Gly Arg Leu Asp Phe Glu Asp Thr Lys Leu His Glu Ile
 305 310 315 320

20 Tyr Ile Gln Ala Lys Asp Lys Gly Ala Asn Pro Glu Gly Ala His Cys
 325 330 335

Lys Val Leu Val Glu Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro Glu Ile
 340 345 350

25 Thr Val Thr Ser Val Tyr Ser Pro Val Pro Glu Asp Ala Ser Gly Thr
 355 360 365

Val Ile Ala Leu Leu Ser Val Thr Asp Leu Asp Ala Gly Glu Asn Gly
 370 375 380

Leu Val Thr Cys Glu Val Pro Pro Gly Leu Pro Phe Ser Leu Thr Ser
 385 390 395 400

35 Ser Leu Lys Asn Tyr Phe Thr Leu Lys Thr Ser Ala Asp Leu Asp Arg
 405 410 415

Glu Thr Val Pro Glu Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala Arg Asp Ala Gly
 420 425 430

40 Thr Pro Ser Leu Ser Ala Leu Thr Ile Val Arg Val Gln Val Ser Asp
 435 440 445

Ile Asn Asp Asn Pro Pro Gln Ser Ser Gln Ser Ser Tyr Asp Val Tyr
 450 455 460

Ile Glu Glu Asn Asn Leu Pro Gly Ala Pro Ile Leu Asn Leu Ser Val
 465 470 475 480

50 Trp Asp Pro Asp Ala Pro Gln Asn Ala Arg Leu Ser Phe Phe Leu Leu
 485 490 495

Glu Gln Gly Ala Glu Thr Gly Leu Val Gly Arg Tyr Phe Thr Ile Asn
 500 505 510

55 Arg Asp Asn Gly Ile Val Ser Ser Leu Val Pro Leu Asp Tyr Glu Asp
 515 520 525

Arg Arg Glu Phe Glu Leu Thr Ala His Ile Ser Asp Gly Gly Thr Pro
 530 535 540

5 Val Leu Ala Thr Asn Ile Ser Val Asn Ile Phe Val Thr Asp Arg Asn
 545 550 555 560

Asp Asn Ala Pro Gln Val Leu Tyr Pro Arg Pro Gly Gly Ser Ser Val
 565 570 575

10 Glu Met Leu Pro Arg Gly Thr Ser Ala Gly His Leu Val Ser Arg Val
 580 585 590

15 Val Gly Trp Asp Ala Asp Ala Gly His Asn Ala Trp Leu Ser Tyr Ser
 595 600 605

Leu Phe Gly Ser Pro Asn Gln Ser Leu Phe Ala Ile Gly Leu His Thr
 610 615 620

20 Gly Gln Ile Ser Thr Ala Arg Pro Val Gln Asp Thr Asp Ser Pro Arg
 625 630 635 640

Gln Thr Leu Thr Val Leu Ile Lys Asp Asn Gly Glu Pro Ser Leu Ser
 645 650 655

25 Thr Thr Ala Thr Leu Thr Val Ser Val Thr Glu Asp Ser Pro Glu Ala
 660 665 670

Arg Ala Glu Phe Pro Ser Gly Ser Ala Pro Arg Glu Gln Lys Lys Asn
 675 680 685
 5 Leu Thr Phe Tyr Leu Leu Leu Ser Leu Ile Leu Val Ser Val Gly Phe
 690 695 700
 Val Val Thr Val Phe Gly Val Ile Ile Phe Lys Val Tyr Lys Trp Lys
 705 710 715 720
 10 Gln Ser Arg Asp Leu Tyr Arg Ala Pro Val Ser Ser Leu Tyr Arg Thr
 725 730 735
 Pro Gly Pro Ser Leu His Ala Asp Ala Val Arg Gly Gly Leu Met Ser
 740 745 750
 15 Pro His Leu Tyr His Gln Val Tyr Leu Thr Thr Asp Ser Arg Arg Ser
 755 760 765
 Asp Pro Leu Leu Lys Lys Pro Gly Ala Ala Ser Pro Leu Ala Ser Arg
 770 775 780
 Gln Asn Thr Leu Arg Ser Cys Asp Pro Val Phe Tyr Arg Gln Val Leu
 785 790 795 800
 25 Gly Ala Glu Ser Ala Pro Pro Gly Gln Gln Ala Pro Pro Asn Thr Asp
 805 810 815
 Trp Arg Phe Ser Gln Ala Gln Arg Pro Gly Thr Ser Gly Ser Gln Asn
 820 825 830
 30 Gly Asp Asp Thr Gly Thr Trp Pro Asn Asn Gln Phe Asp Thr Glu Met
 835 840 845
 Leu Gln Ala Met Ile Leu Ala Ser Ala Ser Glu Ala Ala Asp Gly Ser
 850 855 860
 Ser Thr Leu Gly Gly Gly Ala Gly Thr Met Gly Leu Ser Ala Arg Tyr
 865 870 875 880
 40 Gly Pro Gln Phe Thr Leu Gln His Val Pro Asp Tyr Arg Gln Asn Val
 885 890 895
 Tyr Ile Pro Gly Ser Asn Ala His
 900
 45

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 98:

50 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 441 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

55 (ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 98:

5	Asp Trp Val Ile Pro Pro Ile Asn Leu Pro Glu Asn Ser Arg Gly Pro
	1 5 10 15
	Phe Pro Gln Glu Leu Val Arg Ile Arg Ser Asp Arg Asp Lys Asn Leu
	20 25 30
10	Ser Leu Arg Tyr Thr Val Thr Gly Pro Gly Ala Asp Gln Pro Pro Thr
	35 40 45
	Gly Ile Phe Ile Ile Asn Pro Ile Ser Gly Gln Leu Ser Val Thr Lys
15	50 55 60
	Pro Leu Asp Arg Glu Gln Ile Ala Arg Phe His Leu Arg Ala His Ala
	65 70 75 80
20	Val Asp Ile Asn Gly Asn Gln Val Glu Asn Pro Ile Asp Ile Val Ile
	85 90 95
	Asn Val Ile Asp Met Asn Asp Asn Arg Pro Glu Phe Thr Ala Met Thr
	100 105 110
25	Phe Tyr Gly Glu Val Pro Glu Asn Arg Val Asp Ile Ile Val Ala Asn
	115 120 125

	Leu Thr Val Thr Asp Lys Asp Gln Pro His Thr Pro Ala Trp Asn Ala
	130 135 140
5	Val Thr Arg Ile Ser Gly Gly Asp Pro Thr Gly Arg Phe Ala Ile Gln
	145 150 155 160
	Thr Asp Pro Asn Ser Asn Asp Gly Leu Val Thr Val Val Lys Pro Ile
	165 170 175
10	Asp Phe Glu Thr Asn Arg Met Phe Val Leu Thr Val Ala Ala Glu Asn
	180 185 190
	Gln Val Pro Leu Ala Lys Gly Ile Gln His Pro Pro Gln Ser Thr Ala
15	195 200 205
	Thr Val Ser Val Thr Val Ile Asp Val Asn Glu Asn Pro Tyr Phe Ala
	210 215 220
20	Pro Asn Pro Lys Ile Ile Arg Gln Glu Glu Gly Leu His Ala Gly Thr
	225 230 235 240
	Met Leu Thr Thr Phe Thr Ala Gly Asp Pro Asp Arg Tyr Met Gln Gln
	245 250 255
25	Asn Ile Arg Tyr Thr Lys Leu Ser Asp Pro Ala Asn Trp Leu Lys Ile
	260 265 270
	Asp Pro Val Asn Gly Gln Ile Thr Thr Ile Ala Val Leu Asp Arg Glu
30	275 280 285
	Ser Pro Asn Val Lys Asn Asn Ile Tyr Asn Ala Thr Phe Leu Ala Ser
	290 295 300
35	Asp Asn Gly Ile Pro Pro Met Ser Gly Thr Gly Thr Leu Gln Ile Tyr
	305 310 315 320
	Leu Leu Asp Ile Asn Asp Asn Ala Pro Gln Val Leu Pro Gln Glu Ala
	325 330 335
40	Glu Thr Cys Glu Thr Pro Asp Pro Asn Ser Ile Asn Ile Thr Thr Ala
	340 345 350
	Leu Asp Tyr Asp Ile Asp Pro Asn Ala Gly Pro Phe Ala Tyr Asp Leu
45	355 360 365
	Pro Leu Ser Pro Val Thr Ile Lys Arg Asn Trp Thr Ile Thr Arg Leu
	370 375 380
50	Asn Gly Asp Phe Ala Gln Leu Asn Leu Lys Ile Lys Phe Leu Glu Ala
	385 390 395 400
	Gly Ile Tyr Glu Val Pro Ile Ile Ile Thr Asp Ser Gly Asn Pro Pro
	405 410 415
55	Lys Ser Asn Lys Ser Ile Leu Arg Val Arg Val Cys Gln Cys Asp Phe
	420 425 430

Asn Gly Asp Cys Thr Asp Val Asp Arg
435 440

5 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 99:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- 10 (A) LENGDE: 105 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: lineær

15 (ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 99:

20 Glu Asp Thr Val Tyr Ser Phe Asp Ile Pro Glu Asn Ala Gln Arg Gly
1 5 10 15

Tyr Gln Val Gly Gln Ile Val Ala Arg Asp Ala Asp Leu Gly Gln Asn
20 25 30

25 Ala Gln Leu Ser Tyr Gly Val Val Ser Asp Trp Ala Asn Asp Val Phe
35 40 45

Ser Leu Asn Pro Gln Thr Gly Met Leu Thr Leu Thr Ala Arg Leu Asp
50 55 60

5 Tyr Glu Glu Val Gln His Tyr Ile Leu Ile Val Gln Ala Gln Asp Asn
65 70 75 80

Gly Gln Pro Ser Leu Ser Thr Thr Ile Thr Val Tyr Cys Asn Val Leu
85 90 95

10 Asp Leu Asn Asp Asn Ala Pro Ile Phe
100 105

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 100:

15 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 7 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: linear

20 (ii) MOLEKYLTTYPE: protein

25 (xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 100:

Asp Xaa Asp Xaa Gly Xaa Asn
1 5

30 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 101:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 7 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
35 (C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTTYPE: protein

40 (xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 101:

45 Ala Xaa Asp Xaa Gly Xaa Pro
1 5

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 102:

50 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 4650 basepar
(B) TYPE: nukleinsyre
(C) TRÅDETHET: enkel
(D) TOPOLOGI: linear

55 (ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(ix) KARAKTERISTISK TREKK:

(A) NAVN/NØKKEL: CDS

(B) LOKALISERING: 495..4103

5

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 102:

10	CCTCTATTG ACATTCTCTT TGGATGTGTT TGCTATAACT TGAAATTTGG GATGTCACAA	60
	ACGAAACTGT CATCTGTTTC CGCCAAACTG TGGTTCTGCT AATCTCCAG GCTGGCAGCA	120
	TGGGAGACTT GCTGACTTCT TTCATCCCC ACTCTTTTCA CCTGAAATTC CTTTCTTGG	180
15	TTTTGCTCTA AGTCCTATGC TTCAGTCAGG GGCCAACCAA ATCTCACTGC CTCCTTTTIA	240
	TCATGAAGCC TTGATCACT GATAGTTCTT TTTATATCTT GAAAAATCAC CCTTCCAGT	300
20	ACAGTTAATA TTAGTATCT CTACTCATCT TGGCATTAC TCACAGCTCC ATAATTCAGT	360
	CGTTTTGTA CCTCTTCATG GIGATGGGGA GCCCTTTGGA GGTGGTGACT GTGCTTATA	420
	CTCCTCATGA TGCTTCACAT GTGGCAGGCG TGGAGTGCCC GGAGGCGGCC CTCCTGATTC	480
25	TGGGSCCTCC CAGG ATG GAG CCC CTG AGG CAC AGC CCA GGC CCT GGG GGG	540
	Met Glu Pro Leu Arg His Ser Pro Gly Pro Gly Gly	
	1 5 10	
30	CAA CGG CTA CTG CTG CCC TCC ATG CTG CTA GCA CTG CTG CTC CTG CTG	578
	Gln Arg Leu Leu Leu Pro Ser Met Leu Leu Ala Leu Leu Leu Leu Leu	
	15 20 25	
35	GCT CCA TCC CCA GGC CAC GCC ACT CGG GTA GTG TAC AAG GTG CCG GAG	626
	Ala Pro Ser Pro Gly His Ala Thr Arg Val Val Tyr Lys Val Pro Glu	
	30 35 40	
40	GAA CAG CCA CCC AAC ACC CTC ATT GGG AGC CTC GCA GCC GAC TAT GGT	674
	Glu Gln Pro Pro Asn Thr Leu Ile Gly Ser Leu Ala Ala Asp Tyr Gly	
	45 50 55 60	
	TTT CCA GAT GTG GGG CAC CTG TAC AAG CTA GAG GTG GGT GCC CCG TAC	722
	Phe Pro Asp Val Gly His Leu Tyr Lys Leu Glu Val Gly Ala Pro Tyr	
	65 70 75	
45	CTT CGC GTG GAT GGC AAG ACA GGT GAC ATT TTC ACC ACC GAG ACC TCC	770
	Leu Arg Val Asp Gly Lys Thr Gly Asp Ile Phe Thr Thr Glu Thr Ser	
	80 85 90	
50	ATC GAC CGT GAG GGG CTC CGT GAA TGC CAG AAC CAG CTC CCT GGT GAT	818
	Ile Asp Arg Glu Gly Leu Arg Glu Cys Gln Asn Gln Leu Pro Gly Asp	
	95 100 105	
55	CCC TGC ATC CTG GAG TTT GAG GTA TCT ATC ACA GAC CTC GTG CAG AAT	866
	Pro Cys Ile Leu Glu Phe Glu Val Ser Ile Thr Asp Leu Val Gln Asn	
	110 115 120	
	GCG AGC CCC CGG CTG CTA GAG GGC CAG ATA GAA GTA CAA GAC ATC AAT	914

	Ala Ser Pro Arg Leu Leu Glu Gly Gln Ile Glu Val Gln Asp Ile Asn	
	125 130 135 140	
5	GAC AAC ACA CCC AAC TTC GCC TCA CCA GTC ATC ACT CTG GCC ATC CCT Asp Asn Thr Pro Asn Phe Ala Ser Pro Val Ile Thr Leu Ala Ile Pro	962
	145 150 155	
10	GAG AAC ACC AAC ATC GGC TCA CTC TTC CCC ATC CCG CTG GCT TCA GAC Glu Asn Thr Asn Ile Gly Ser Leu Phe Pro Ile Pro Leu Ala Ser Asp	1010
	160 165 170	
15	CGT GAT GCT GGT CCC AAC GGT GTG GCA TCC TAT GAG CTG CAG GTG GCA Arg Asp Ala Gly Pro Asn Gly Val Ala Ser Tyr Glu Leu Gln Val Ala	1058
	175 180 185	
	GAG GAC CAG GAG GAG AAG CAA CCA CAG CTC ATT GTG ATG GGC AAC CTG Glu Asp Gln Glu Glu Lys Gln Pro Gln Leu Ile Val Met Gly Asn Leu	1106
	190 195 200	
20	GAC CGT GAG CGC TGG GAC TCC TAT GAC CTC ACC ATC AAG GTG CAG GAT Asp Arg Glu Arg Trp Asp Ser Tyr Asp Leu Thr Ile Lys Val Gln Asp	1154
	205 210 215 220	
25	GGC GGC AGC CCC CCA CGC GCC ACG AGT GCC CTG CTG CGT GTC ACC GTG Gly Gly Ser Pro Pro Arg Ala Thr Ser Ala Leu Leu Arg Val Thr Val	1202
	225 230 235	
30	CTT GAC ACC AAT GAC AAC GCC CCC AAG TTT GAG CGG CCC TCC TAT GAG Leu Asp Thr Asn Asp Asn Ala Pro Lys Phe Glu Arg Pro Ser Tyr Glu	1250
	240 245 250	
35	GCC GAA CTA TCT GAG AAT AGC CCC ATA GGC CAC TCG GTC ATC CAG GTG Ala Glu Leu Ser Glu Asn Ser Pro Ile Gly His Ser Val Ile Gln Val	1298
	255 260 265	
	AAG GCC AAT GAC TCA GAC CAA GGT GCC AAT GCA GAA ATC GAA TAC ACA Lys Ala Asn Asp Ser Asp Gln Gly Ala Asn Ala Glu Ile Glu Tyr Thr	1346
	270 275 280	
40	TTC CAC CAG GCG CCC GAA GTT GTG ASG CGT CTT CTT CGA CTG GAC AAG Phe His Gln Ala Pro Glu Val Val Arg Arg Leu Leu Arg Leu Asp Arg	1394
	285 290 295 300	
45	AAC ACT GGA CTT ATC ACT GTT CAG GGC CCG GTG GAC CGT GAG GAC CTA Asn Thr Gly Leu Ile Thr Val Gln Gly Pro Val Asp Arg Glu Asp Leu	1442
	305 310 315	
50	AGC ACC CTG CGC TTC TCA GTG CTT GCT AAG GAC CGA GGC ACC AAC CCC Ser Thr Leu Arg Phe Ser Val Leu Ala Lys Asp Arg Gly Thr Asn Pro	1490
	320 325 330	
55	AAG AGT GCC CGT GCC CAG GTG GTT GTG ACC GTG AAG GAC ATG AAT GAC Lys Ser Ala Arg Ala Gln Val Val Val Thr Val Lys Asp Met Asn Asp	1538
	335 340 345	

	AAT GCC CCC ACC ATT GAG ATC CGG GGC ATA GGG CTA GTG ACT CAT CAA	1586
	Asn Ala Pro Thr Ile Glu Ile Arg Gly Ile Gly Leu Val Thr His Gln	
	350 355 360	
5	GAT GGG ATG GCT AAC ATC TCA GAG GAT GTG GCA GAG GAG ACA GCT GTG	1634
	Asp Gly Met Ala Asn Ile Ser Glu Asp Val Ala Glu Glu Thr Ala Val	
	365 370 375 380	
10	GCC CTG GTG CAG GTG TCT GAC CGA GAT GAG GGA GAG AAT GCA GCT GTC	1682
	Ala Leu Val Gln Val Ser Asp Arg Asp Glu Gly Glu Asn Ala Ala Val	
	385 390 395	
15	ACC TGT GTG GTG GCA GGT GAT GTG CCC TTC CAG CTG CGC CAG GCC AGT	1730
	Thr Cys Val Val Ala Gly Asp Val Pro Phe Gln Leu Arg Gln Ala Ser	
	400 405 410	
20	GAG ACA GGC AGT GAC AGC AAG AAG AAG TAT TTC CTG CAG ACT ACC ACC	1778
	Glu Thr Gly Ser Asp Ser Lys Lys Lys Tyr Phe Leu Gln Thr Thr Thr	
	415 420 425	
25	CCG CTA GAC TAC GAG AAG GTC AAA GAC TAC ACC ATT GAG ATT GTG GCT	1826
	Pro Leu Asp Tyr Glu Lys Val Lys Asp Tyr Thr Ile Glu Ile Val Ala	
	430 435 440	
30	GTG GAC TCT GGC AAC CCC CCA CTC TCC AGC ACT AAC TCC CTC AAG GTG	1874
	Val Asp Ser Gly Asn Pro Pro Leu Ser Ser Thr Asn Ser Leu Lys Val	
	445 450 455 460	
35	CAG GTG GTG GAC GTC AAT GAC AAC GCA CCT GTC TTC ACT CAG AGT GTC	1922
	Gln Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro Val Phe Thr Gln Ser Val	
	465 470 475	
40	ACT GAG GTC GCC TTC CCG GAA AAC AAC AAG CCT GGT GAA GTG ATT GCT	1970
	Thr Glu Val Ala Phe Pro Glu Asn Asn Lys Pro Gly Glu Val Ile Ala	
	480 485 490	
45	GAG ATC ACT GCC AGT GAT GCT GAC TCT GGC TCT AAT GCT CAG CTG GTT	2018
	Glu Ile Thr Ala Ser Asp Ala Asp Ser Gly Ser Asn Ala Glu Leu Val	
	495 500 505	
50	TAC TCT CTG GAG CCT GAG CCG GCT GCT AAG GGC CTC TTC ACC ATC TCA	2066
	Tyr Ser Leu Glu Pro Glu Pro Ala Ala Lys Gly Leu Phe Thr Ile Ser	
	510 515 520	
55	CCC GAG ACT GGA GAG ATC CAG GTG AAG ACA TCT CTG GAT CGG GAA CAG	2114
	Pro Glu Thr Gly Glu Ile Gln Val Lys Thr Ser Leu Asp Arg Glu Gln	
	525 530 535 540	
60	CGG GAG AGC TAT GAG TTG AAG GTG GTG GCA GCT GAC CGG GGC AGT CCT	2162
	Arg Glu Ser Tyr Glu Leu Lys Val Val Ala Ala Asp Arg Gly Ser Pro	
	545 550 555	
65	AGC CTC CAG GGC ACA GCC ACT GTC CTT GTC AAT GTG CTG GAC TGC AAT	2210
	Ser Leu Gln Gly Thr Ala Thr Val Leu Val Asn Val Leu Asp Cys Asn	
	560 565 570	
70	GAC AAT GAC CCC AAA TTT ATG CTG AGT GGC TAC AAC TTC TCA GTG ATG	2258

	Asp	Asn	Asp	Pro	Lys	Phe	Met	Leu	Ser	Gly	Tyr	Asn	Phe	Ser	Val	Met		
	575							580					585					
5	GAG	AAC	ATG	CCA	GCA	CTG	AGT	CCA	GTG	GGC	ATG	GTG	ACT	GTC	ATT	GAT	2306	
	Glu	Asn	Met	Pro	Ala	Leu	Ser	Pro	Val	Gly	Met	Val	Thr	Val	Ile	Asp		
	590							595					600					
10	GGA	GAC	AAG	GGG	GAG	AAT	GCC	CAG	GTG	CAG	CTC	TCA	GTG	GAG	CAG	GAC	2354	
	Gly	Asp	Lys	Gly	Glu	Asn	Ala	Gln	Val	Gln	Leu	Ser	Val	Glu	Gln	Asp		
	605							610					615					620
15	AAC	GGT	GAC	TTT	GTT	ATC	CAG	AAT	GGC	ACA	GGC	ACC	ATC	CTA	TCC	AGC	2402	
	Asn	Gly	Asp	Phe	Val	Ile	Gln	Asn	Gly	Thr	Gly	Thr	Ile	Leu	Ser	Ser		
	625							630					635					
20	CTG	AGC	TTT	GAT	CGA	GAG	CAA	CAA	AGC	ACC	TAC	ACC	TTC	CAG	CTG	AAG	2450	
	Leu	Ser	Phe	Asp	Arg	Glu	Gln	Gln	Ser	Thr	Tyr	Thr	Phe	Gln	Leu	Lys		
	640							645					650					
25	GCA	GTG	GAT	GGT	GGC	GTC	CCA	CCT	CGC	TCA	GCT	TAC	GTT	GGT	GTC	ACC	2498	
	Ala	Val	Asp	Gly	Gly	Val	Pro	Pro	Arg	Ser	Ala	Tyr	Val	Gly	Val	Thr		
	655							660					665					
30	ATC	AAT	GTG	CTG	GAC	GAG	AAT	GAC	AAC	GCA	CCC	TAT	ATC	ACT	GCC	CCT	2546	
	Ile	Asn	Val	Leu	Asp	Glu	Asn	Asp	Asn	Ala	Pro	Tyr	Ile	Thr	Ala	Pro		
	670							675					680					

	TCT AAC ACC TCT CAC AAG CTG CTG ACC CCC CAG ACA CGT.CTT GGT GAG	2594
	Ser Asn Thr Ser His Lys Leu Leu Thr Pro Gln Thr Arg Leu Gly Glu	
	685 690 695 700	
5	ACG GTC AGC CAG GTG GCA GCC GAG GAC TTT GAC TCT GGT GTC AAT GCC	2642
	Thr Val Ser Gln Val Ala Ala Glu Asp Phe Asp Ser Gly Val Asn Ala	
	705 710 715	
10	GAG CTG ATC TAC AGC ATT GCA GGT GGC AAC CCT TAT GGA CTC TTC CAG	2690
	Glu Leu Ile Tyr Ser Ile Ala Gly Gly Asn Pro Tyr Gly Leu Phe Gln	
	720 725 730	
15	ATT GGG TCA CAT TCA GGT GCC ATC ACC CTG GAG AAG GAG ATT GAG CGG	2738
	Ile Gly Ser His Ser Gly Ala Ile Thr Leu Glu Lys Glu Ile Glu Arg	
	735 740 745	
20	CGC CAC CAT GGG CTA CAC CGC CTG GTG GTG AAG GTC AGT GAC CGC GGC	2786
	Arg His His Gly Leu His Arg Leu Val Val Lys Val Ser Asp Arg Gly	
	750 755 760	
25	AAG CCC CCA CGC TAT GGC ACA GCC TTG GTC CAT CTT TAT GTC AAT GAG	2834
	Lys Pro Pro Arg Tyr Gly Thr Ala Leu Val His Leu Tyr Val Asn Glu	
	765 770 775 780	
30	ACT CTG GCC AAC CGC ACG CTG CTG GAG ACC CTC CTG GGC CAC AGC CTG	2882
	Thr Leu Ala Asn Arg Thr Leu Leu Glu Thr Leu Leu Gly His Ser Leu	
	785 790 795	
35	GAC ACG CCG CTG GAT ATT GAC ATT GCT GGG GAT CCA GAA TAT GAG CGC	2930
	Asp Thr Pro Leu Asp Ile Asp Ile Ala Gly Asp Pro Glu Tyr Glu Arg	
	800 805 810	
40	TCC AAG CAG CGT GGC AAC ATT CTC TTT GGT GTG GTG GCT GGT GTG GTG	2978
	Ser Lys Gln Arg Gly Asn Ile Leu Phe Gly Val Val Ala Gly Val Val	
	815 820 825	
45	GCC GTG GCC TTG CTC ATC GCC CTG GCG GTT CTT GTG CGC TAC TGC AGA	3026
	Ala Val Ala Leu Leu Ile Ala Leu Ala Val Leu Val Arg Tyr Cys Arg	
	830 835 840	
50	CAG CGG GAG GCC AAA AGT GGT TAC CAG GCT GGT AAG AAG GAG ACC AAG	3074
	Gln Arg Glu Ala Lys Ser Gly Tyr Gln Ala Gly Lys Lys Glu Thr Lys	
	845 850 855 860	
55	GAC CTG TAT GCC CCC AAG CCC AGT GGC AAG GCC TCC AAG GGA AAC AAA	3122
	Asp Leu Tyr Ala Pro Lys Pro Ser Gly Lys Ala Ser Lys Gly Asn Lys	
	865 870 875	
60	AGC AAA GGC AAG AAG AGC AAG TCC CCA AAG CCC GTG AAG CCA GTG GAG	3170
	Ser Lys Gly Lys Lys Ser Lys Ser Pro Lys Pro Val Lys Pro Val Glu	
	880 885 890	
65	GAC GAG GAT GAG GCC GGG CTG CAG AAG TCC CTC AAG TTC AAC CTG ATG	3218
	Asp Glu Asp Glu Ala Gly Leu Gln Lys Ser Leu Lys Phe Asn Leu Met	
	895 900 905	
70	AGC GAT GCC CCT GGG GAC AGT CCC CGC ATC CAC CTG CCC CTC AAC TAC	3266

	Ser Asp Ala Pro Gly Asp Ser Pro Arg Ile His Leu Pro Leu Asn Tyr	
	910 915 920	
5	CCA CCA GGC AGC CCT GAC CTG GGC CGC CAC TAT CGC TCT AAC TCC CCA Pro Pro Gly Ser Pro Asp Leu Gly Arg His Tyr Arg Ser Asn Ser Pro	3314
	925 930 935 940	
10	CTG CCT TCC ATC CAG CTG CAG CCC CAG TCA CCC TCA GCC TCC AAG AAG Leu Pro Ser Ile Gln Leu Gln Pro Gln Ser Pro Ser Ala Ser Lys Lys	3362
	945 950 955	
15	CAC CAG GTG GTA CAG GAC CTG CCA CCT GCA AAC ACA TTC GTG GGC ACC His Gln Val Val Gln Asp Leu Pro Pro Ala Asn Thr Phe Val Gly Thr	3410
	960 965 970	
	GGG GAC ACC ACG TCC ACG GGC TCT GAG CAG TAC TCC GAC TAC AGC TAC Gly Asp Thr Thr Ser Thr Gly Ser Glu Gln Tyr Ser Asp Tyr Ser Tyr	3458
	975 980 985	
20	CGC ACC AAC CCC CCC AAA TAC CCC AGC AAG CAG TTA CCT CAC CGC CGC Arg Thr Asn Pro Pro Lys Tyr Pro Ser Lys Gln Leu Pro His Arg Arg	3506
	990 995 1000	
25	GTC ACC TTC TCG GCC ACC AGC CAG GCC CAG GAG CTG CAG GAC CCA TCC Val Thr Phe Ser Ala Thr Ser Gln Ala Gln Glu Leu Gln Asp Pro Ser	3554
	1005 1010 1015 1020	

	CAG CAC AGT TAC TAT GAC AGT GGC CTG GAG GAG TCT GAG ACG CCG TCC Gln His Ser Tyr Tyr Asp Ser Gly Leu Glu Glu Ser Glu Thr Pro Ser 1025 1030 1035	3602
5	AGC AAG TCA TCC TCA GGG CCT CGA CTC GGT CCC CTG GCC CTG CCT GAG Ser Lys Ser Ser Ser Gly Pro Arg Leu Gly Pro Leu Ala Leu Pro Glu 1040 1045 1050	3650
10	GAT CAC TAT GAG CGC ACC ACC CCT GAT GGC AGC ATA GGA GAG ATG GAG Asp His Tyr Glu Arg Thr Thr Pro Asp Gly Ser Ile Gly Glu Met Glu 1055 1060 1065	3698
15	CAC CCC GAG AAT GAC CTT CGC CCT TTG CCT GAT GTC GCC ATG ACA GGC His Pro Glu Asn Asp Leu Arg Pro Leu Pro Asp Val Ala Met Thr Gly 1070 1075 1080	3746
20	ACA TGT ACC CGG GAG TGC AGT GAG TTT GGC CAC TCT GAC ACA TGC TGG Thr Cys Thr Arg Glu Cys Ser Glu Phe Gly His Ser Asp Thr Cys Trp 1085 1090 1095 1100	3794
	ATG CCT GGC CAG TCA TCT CCC AGC CGC CGG ACC AAG AGC AGC GCC CTC Met Pro Gly Gln Ser Ser Pro Ser Arg Arg Thr Lys Ser Ser Ala Leu 1105 1110 1115	3842
25	AAA CTC TCC ACC TTC ATG CCT TAC CAG GAC CGA GGA GGG CAG GAG CCT Lys Leu Ser Thr Phe Met Pro Tyr Gln Asp Arg Gly Gly Gln Glu Pro 1120 1125 1130	3890
30	GCG GGC GCC GGC AGC CCC AGC CCC CCG GAA GAC CGG AAC ACC AAA ACG Ala Gly Ala Gly Ser Pro Ser Pro Pro Glu Asp Arg Asn Thr Lys Thr 1135 1140 1145	3938
35	GCC CCC GTG CGC CTC CTG CCC TCC TAC AGT GCC TTC TCC CAC AGT AGC Ala Pro Val Arg Leu Leu Pro Ser Tyr Ser Ala Phe Ser His Ser Ser 1150 1155 1160	3986
40	CAT GAT TCC TGC AAG GAC TCG GCC ACC TTG GAG GAA ATC CCC CTG ACC His Asp Ser Cys Lys Asp Ser Ala Thr Leu Glu Glu Ile Pro Leu Thr 1165 1170 1175 1180	4034
	CAG ACC TCG GAC TTC CCA CCC GCA GCC ACA CCG GCA TCT GCC CAG ACG Gln Thr Ser Asp Phe Pro Pro Ala Ala Thr Pro Ala Ser Ala Gln Thr 1185 1190 1195	4082
45	GCC AAG CGC GAG ATC TAC CTG TGAGCCCCCT ACTGGCCGGC CCCCCCTCCC Ala Lys Arg Glu Ile Tyr Leu 1200	4133
50	CAGCGCCGGC CAGCTCCCAA ATGCCCATTC CAGGGCTCA CTCTCCACCC CTTGAGCGTG GACTTCTGTC CAGGGCCCAA GTGGGGTAT CACTGACCTC ATGACCACGC TGCCCTTCT	4193 4253
	CCCTGACAGG GTCCAGGTCC TCTCCCTCA TTTCCATCTC CCAGCCACAG GGCCTCTCC	4313
55	CCTTTATGGG GCTTCCCCCA GCTGATGCCC AAGAGGCTC CTCTGCAATG ACTGGGCTCC TTCCCTTGAC TTCCAGGGAG CACCCCTCG ATTGGGCAG ATGTTGAGT CAAGGGTGGG	4373 4433

CAGCGTACTT CTAACCTATT GTTCCCTCA TGGCCGACCA GGGCGGGGAT AGCATGCCCA 4493
 ATTTTAGCCC TGAAGCAGGG CTGAACTGGG GAGCCCCCTT CCCTGGGAGC TCCCAGAGGA 4553
 AACTCTTGAC CACCAGTGGC TCCCTGAAGG GCTTTTGTTA CCAAAGGTGG GGTAGGGACG 4613
 GGGGTGGGAG TGGAGCGGAG GCCTTGTITT CCCGTGG 4650

(i) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 103:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 1203 aminosyrer
 (B) TYPE: aminosyre
 (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 103:

Met Glu Pro Leu Arg His Ser Pro Gly Pro Gly Gly Gln Arg Leu Leu
 1 5 10 15
 Leu Pro Ser Met Leu Leu Ala Leu Leu Leu Leu Ala Pro Ser Pro
 20 25 30
 Gly His Ala Thr Arg Val Val Tyr Lys Val Pro Glu Glu Gln Pro Pro
 35 40 45
 Asn Thr Leu Ile Gly Ser Leu Ala Ala Asp Tyr Gly Phe Pro Asp Val
 50 55 60
 Gly His Leu Tyr Lys Leu Glu Val Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Val Asp
 65 70 75 80
 Gly Lys Thr Gly Asp Ile Phe Thr Thr Glu Thr Ser Ile Asp Arg Glu
 85 90 95
 Gly Leu Arg Glu Cys Gln Asn Gln Leu Pro Gly Asp Pro Cys Ile Leu
 100 105 110
 Glu Phe Glu Val Ser Ile Thr Asp Leu Val Gln Asn Ala Ser Pro Arg
 115 120 125
 Leu Leu Glu Gly Gln Ile Glu Val Gln Asp Ile Asn Asp Asn Thr Pro
 130 135 140
 Asn Phe Ala Ser Pro Val Ile Thr Leu Ala Ile Pro Glu Asn Thr Asn
 145 150 155 160
 Ile Gly Ser Leu Phe Pro Ile Pro Leu Ala Ser Asp Arg Asp Ala Gly
 165 170 175
 Pro Asn Gly Val Ala Ser Tyr Glu Leu Gln Val Ala Glu Asp Gln Glu

	180	185	190
	Glu Lys Gln Pro Gln Leu Ile Val Met Gly Asn Leu Asp Arg Glu Arg		
	195	200	205
5	Trp Asp Ser Tyr Asp Leu Thr Ile Lys Val Gln Asp Gly Gly Ser Pro		
	210	215	220
10	Pro Arg Ala Thr Ser Ala Leu Leu Arg Val Thr Val Leu Asp Thr Asn		
	225	230	235 240
	Asp Asn Ala Pro Lys Phe Glu Arg Pro Ser Tyr Glu Ala Glu Leu Ser		
	245	250	255
15	Glu Asn Ser Pro Ile Gly His Ser Val Ile Gln Val Lys Ala Asn Asp		
	260	265	270
	Ser Asp Gln Gly Ala Asn Ala Glu Ile Glu Tyr Thr Phe His Gln Ala		
	275	280	285
20	Pro Glu Val Val Arg Arg Leu Leu Arg Leu Asp Arg Asn Thr Gly Leu		
	290	295	300
	Ile Thr Val Gln Gly Pro Val Asp Arg Glu Asp Leu Ser Thr Leu Arg		
	305	310	315 320
25	Phe Ser Val Leu Ala Lys Asp Arg Gly Thr Asn Pro Lys Ser Ala Arg		
	325	330	335
30	Ala Gln Val Val Val Thr Val Lys Asp Met Asn Asp Asn Ala Pro Thr		
	340	345	350
	Ile Glu Ile Arg Gly Ile Gly Leu Val Thr His Gln Asp Gly Met Ala		
	355	360	365
35	Asn Ile Ser Glu Asp Val Ala Glu Glu Thr Ala Val Ala Leu Val Gln		
	370	375	380
	Val Ser Asp Arg Asp Glu Gly Glu Asn Ala Ala Val Thr Cys Val Val		
	385	390	395 400
40	Ala Gly Asp Val Pro Phe Gln Leu Arg Gln Ala Ser Glu Thr Gly Ser		
	405	410	415
45	Asp Ser Lys Lys Lys Tyr Phe Leu Gln Thr Thr Thr Pro Leu Asp Tyr		
	420	425	430
	Glu Lys Val Lys Asp Tyr Thr Ile Glu Ile Val Ala Val Asp Ser Gly		
	435	440	445
50	Asn Pro Pro Leu Ser Ser Thr Asn Ser Leu Lys Val Gln Val Val Asp		
	450	455	460
	Val Asn Asp Asn Ala Pro Val Phe Thr Gln Ser Val Thr Glu Val Ala		
	465	470	475 480

	Phe Pro Glu Asn Asn Lys Pro Gly Glu Val Ile Ala Glu Ile Thr Ala	
	485	490 495
5	Ser Asp Ala Asp Ser Gly Ser Asn Ala Glu Leu Val Tyr Ser Leu Glu	
	500	505 510
	Pro Glu Pro Ala Ala Lys Gly Leu Phe Thr Ile Ser Pro Glu Thr Gly	
	515	520 525
10	Glu Ile Gln Val Lys Thr Ser Leu Asp Arg Glu Gln Arg Glu Ser Tyr	
	530	535 540
	Glu Leu Lys Val Val Ala Ala Asp Arg Gly Ser Pro Ser Leu Gln Gly	
	545	550 555 560
15	Thr Ala Thr Val Leu Val Asn Val Leu Asp Cys Asn Asp Asn Asp Pro	
	565	570 575
	Lys Phe Met Leu Ser Gly Tyr Asn Phe Ser Val Met Glu Asn Met Pro	
20	580	585 590
	Ala Leu Ser Pro Val Gly Met Val Thr Val Ile Asp Gly Asp Lys Gly	
	595	600 605
25	Glu Asn Ala Gln Val Gln Leu Ser Val Glu Gln Asp Asn Gly Asp Phe	
	610	615 620
	Val Ile Gln Asn Gly Thr Gly Thr Ile Leu Ser Ser Leu Ser Phe Asp	
	625	630 635 640
30	Arg Glu Gln Gln Ser Thr Tyr Thr Phe Gln Leu Lys Ala Val Asp Gly	
	645	650 655
	Gly Val Pro Pro Arg Ser Ala Tyr Val Gly Val Thr Ile Asn Val Leu	
35	660	665 670
	Asp Glu Asn Asp Asn Ala Pro Tyr Ile Thr Ala Pro Ser Asn Thr Ser	
	675	680 685
40	His Lys Leu Leu Thr Pro Gln Thr Arg Leu Gly Glu Thr Val Ser Gln	
	690	695 700
	Val Ala Ala Glu Asp Phe Asp Ser Gly Val Asn Ala Glu Leu Ile Tyr	
	705	710 715 720
45	Ser Ile Ala Gly Gly Asn Pro Tyr Gly Leu Phe Gln Ile Gly Ser His	
	725	730 735
	Ser Gly Ala Ile Thr Leu Glu Lys Glu Ile Glu Arg Arg His His Gly	
50	740	745 750
	Leu His Arg Leu Val Val Lys Val Ser Asp Arg Gly Lys Pro Pro Arg	
	755	760 765
55	Tyr Gly Thr Ala Leu Val His Leu Tyr Val Asn Glu Thr Leu Ala Asn	
	770	775 780

Arg Thr Leu Leu Glu Thr Leu Leu Gly His Ser Leu Asp Thr Pro Leu
 785 790 795 800

5 Asp Ile Asp Ile Ala Gly Asp Pro Glu Tyr Glu Arg Ser Lys Gln Arg
 805 810 815

Gly Asn Ile Leu Phe Gly Val Val Ala Gly Val Val Ala Val Ala Leu
 820 825 830

10 Leu Ile Ala Leu Ala Val Leu Val Arg Tyr Cys Arg Gln Arg Glu Ala
 835 840 845

Lys Ser Gly Tyr Gln Ala Gly Lys Lys Glu Thr Lys Asp Leu Tyr Ala
 850 855 860

15 Pro Lys Pro Ser Gly Lys Ala Ser Lys Gly Asn Lys Ser Lys Gly Lys
 865 870 875 880

Lys Ser Lys Ser Pro Lys Pro Val Lys Pro Val Glu Asp Glu Asp Glu
 885 890 895

20 Ala Gly Leu Gln Lys Ser Leu Lys Phe Asn Leu Met Ser Asp Ala Pro
 900 905 910

25 Gly Asp Ser Pro Arg Ile His Leu Pro Leu Asn Tyr Pro Pro Gly Ser
 915 920 925

Pro Asp Leu Gly Arg His Tyr Arg Ser Asn Ser Pro Leu Pro Ser Ile
930 935 940

Gln Leu Gln Pro Gln Ser Pro Ser Ala Ser Lys Lys His Gln Val Val
5 945 950 955 960

Gln Asp Leu Pro Pro Ala Asn Thr Phe Val Gly Thr Gly Asp Thr Thr
965 970 975

10 Ser Thr Gly Ser Glu Gln Tyr Ser Asp Tyr Ser Tyr Arg Thr Asn Pro
980 985 990

Pro Lys Tyr Pro Ser Lys Gln Leu Pro His Arg Arg Val Thr Phe Ser
995 1000 1005

15 Ala Thr Ser Gln Ala Gln Glu Leu Gln Asp Pro Ser Gln His Ser Tyr
1010 1015 1020

Tyr Asp Ser Gly Leu Glu Glu Ser Glu Thr Pro Ser Ser Lys Ser Ser
20 1025 1030 1035 1040

Ser Gly Pro Arg Leu Gly Pro Leu Ala Leu Pro Glu Asp His Tyr Glu
1045 1050 1055

25 Arg Thr Thr Pro Asp Gly Ser Ile Gly Glu Met Glu His Pro Glu Asn
1060 1065 1070

Asp Leu Arg Pro Leu Pro Asp Val Ala Met Thr Gly Thr Cys Thr Arg
1075 1080 1085

30 Glu Cys Ser Glu Phe Gly His Ser Asp Thr Cys Trp Met Pro Gly Gln
1090 1095 1100

Ser Ser Pro Ser Arg Arg Thr Lys Ser Ser Ala Leu Lys Leu Ser Thr
35 1105 1110 1115 1120

Phe Met Pro Tyr Gln Asp Arg Gly Gly Gln Glu Pro Ala Gly Ala Gly
1125 1130 1135

40 Ser Pro Ser Pro Pro Glu Asp Arg Asn Thr Lys Thr Ala Pro Val Arg
1140 1145 1150

Leu Leu Pro Ser Tyr Ser Ala Phe Ser His Ser Ser His Asp Ser Cys
1155 1160 1165

45 Lys Asp Ser Ala Thr Leu Glu Glu Ile Pro Leu Thr Gln Thr Ser Asp
1170 1175 1180

Phe Pro Pro Ala Ala Thr Pro Ala Ser Ala Gln Thr Ala Lys Arg Glu
50 1185 1190 1195 1200

Ile Tyr Leu

55 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 104:

{i} SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 2789 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: linear

5

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

(ix) KARAKTERISTISK TREKK:

10

(A) NAVN/NØKKEL: CDS

(B) LOKALISERING: 115..2622

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 104:

15

CGAAGCCAT GTGGACTCG TGGCCAGCG CCCAAGCGT AACCGCTGA AAGTTTCTCA 60

GCGAATCTC AGGACGATC TGGACCCGC TGAGAGGAAC TGCTTTGAG TGAG ATG 117
Met

20

1

GTC OCA GAG GCC TGG AGG AGC GGA CTG GTA AGC ACC GCG AGG GTA GTG 165
Val Pro Glu Ala Trp Arg Ser Gly Leu Val Ser Thr Gly Arg Val Val
5 10 15

25

GGA GTT TTG CTT CTG CTT GGT GCC TTG AAC AAG GCT TCC ACG GTC ATT 213
Gly Val Leu Leu Leu Leu Gly Ala Leu Asn Lys Ala Ser Thr Val Ile
20 25 30

30

CAC TAT GAG ATC CCG GAG GAA AGA GAG AAG GGT TTC GCT GTG GGC AAC 261
His Tyr Glu Ile Pro Glu Glu Arg Glu Lys Gly Phe Ala Val Gly Asn
35 40 45

35

GTG GTC GCG AAC CTT GGT TTG GAT CTC GGT AGC CTC TCA GCC CGC AGG 309
Val Val Ala Asn Leu Gly Leu Asp Leu Gly Ser Leu Ser Ala Arg Arg
50 55 60 65TTC CCG GTG GTG TCT GGA GCT AGC CGA AGA TTC TTT GAG GTG AAC CGG 357
Phe Pro Val Val Ser Gly Ala Ser Arg Arg Phe Phe Glu Val Asn Arg
70 75 80

40

GAG ACC GGA GAG ATG TTT GTG AAC GAC CGT CTG GAT CGA GAG GAG CTG 405
Glu Thr Gly Glu Met Phe Val Asn Asp Arg Leu Asp Arg Glu Glu Leu
85 90 95

45

TGT GGG ACA CTG CCC TCT TGC ACT GTA ACT CTG GAG TTG GTA GTG GAG 453
Cys Gly Thr Leu Pro Ser Cys Thr Val Thr Leu Glu Leu Val Val Glu
100 105 110

50

AAC CCG CTG GAG CTG TTC AGC GTG GAA GTG GTG ATC CAG GAC ATC AAC 501
Asn Pro Leu Glu Leu Phe Ser Val Glu Val Val Ile Gln Asp Ile Asn
115 120 125GAC AAC AAT CCT GCT TTC CCT ACC CAG GAA ATG AAA TTG GAG ATT AGC 549
Asp Asn Asn Pro Ala Phe Pro Thr Gln Glu Met Lys Leu Glu Ile Ser
130 135 140 145

55

	GAG GCC GTG GCT CCG GCG ACG CGC TTT CCG CTC GAG AGC GCG CAC GAT	597
	Glu Ala Val Ala Pro Gly Thr Arg Phe Pro Leu Glu Ser Ala His Asp	
	150 155 160	
5	CCC GAT CTG GGA AGC AAC TCT TTA CAA ACC TAT GAG CTG AGC CGA AAT	645
	Pro Asp Leu Gly Ser Asn Ser Leu Gln Thr Tyr Glu Leu Ser Arg Asn	
	165 170 175	
10	GAA TAC TTT GCG CTT CGC GTG CAG ACG CGG GAG GAC AGC ACC AAG TAC	693
	Glu Tyr Phe Ala Leu Arg Val Gln Thr Arg Glu Asp Ser Thr Lys Tyr	
	180 185 190	
15	GCG GAG CTG GTG TTG GAG CGC GCC CTG GAC CGA GAA CGG GAG CCT AGT	741
	Ala Glu Leu Val Leu Glu Arg Ala Leu Asp Arg Glu Arg Glu Pro Ser	
	195 200 205	
20	CTC CAG TTA GTG CTG ACG GCG TTG GAC GGA GGG ACC CCA GCT CTC TCC	789
	Leu Gln Leu Val Leu Thr Ala Leu Asp Gly Gly Thr Pro Ala Leu Ser	
	210 215 220 225	
	GCC AGC CTG CCT ATT CAC ATC AAG GTG CTG GAC GCG AAT GAC AAT GCG	837
	Ala Ser Leu Pro Ile His Ile Lys Val Leu Asp Ala Asn Asp Asn Ala	
	230 235 240	
25	CCT GTC TTC AAC CAG TCC TTG TAC CGG GCG CGC GTT CCT GGA GGA TGC	885
	Pro Val Phe Asn Gln Ser Leu Tyr Arg Ala Arg Val Pro Gly Gly Cys	
	245 250 255	
30	ACC TCC GGC ACG CGC GTG GTA CAA GTC CTT GCA ACG GAT CTG GAT GAA	933
	Thr Ser Gly Thr Arg Val Val Gln Val Leu Ala Thr Asp Leu Asp Glu	
	260 265 270	
35	GGC CCC AAC GGT GAA ATT ATT TAC TCC TTC GGC AGC CAC AAC CGC GCC	981
	Gly Pro Asn Gly Glu Ile Ile Tyr Ser Phe Gly Ser His Asn Arg Ala	
	275 280 285	
40	GGC GTG CGG CAA CTA TTC GCC TTA GAC CTT GTA ACC GGG ATG CTG ACA	1029
	Gly Val Arg Gln Leu Phe Ala Leu Asp Leu Val Thr Gly Met Leu Thr	
	290 295 300 305	
	ATC AAG GGT CGG CTG GAC TTC GAG GAC ACC AAA CTC CAT GAG ATT TAC	1077
	Ile Lys Gly Arg Leu Asp Phe Glu Asp Thr Lys Leu His Glu Ile Tyr	
	310 315 320	
45	ATC CAG GCC AAA GAC AAG GGC GCC AAT CCC GAA GGA GCA CAT TGC AAA	1125
	Ile Gln Ala Lys Asp Lys Gly Ala Asn Pro Glu Gly Ala His Cys Lys	
	325 330 335	
50	GTG TTG GTG GAG GTT GTG GAT GTG AAT GAC AAC GCC CCG GAG ATC ACA	1173
	Val Leu Val Glu Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro Glu Ile Thr	
	340 345 350	
55	GTC ACC TCC GTG TAC AGC CCA GTA CCC GAG GAT GCC TCT GGG ACT GTC	1221
	Val Thr Ser Val Tyr Ser Pro Val Pro Glu Asp Ala Ser Gly Thr Val	
	355 360 365	

	ATC GCT TTG CTC AGT GTG ACT GAC CTG GAT GCT GGC GAG AAC GGG CTG	1269
	Ile Ala Leu Leu Ser Val Thr Asp Leu Asp Ala Gly Glu Asn Gly Leu	
	370 375 380 385	
5	GTG ACC TGC GAA GTT CCA CCG GGT CTC CCT TTC AGC CTT ACT TCT TCC	1317
	Val Thr Cys Glu Val Pro Pro Gly Leu Pro Phe Ser Leu Thr Ser Ser	
	390 395 400	
10	CTC AAG AAT TAC TTC ACT TTG AAA ACC AGT GCA GAC CTG GAT CCG GAG	1365
	Leu Lys Asn Tyr Phe Thr Leu Lys Thr Ser Ala Asp Leu Asp Arg Glu	
	405 410 415	
15	ACT GTG CCA GAA TAC AAC CTC AGC ATC ACC GCC CGA GAC GCC GGA ACC	1413
	Thr Val Pro Glu Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala Arg Asp Ala Gly Thr	
	420 425 430	
20	CCT TCC CTC TCA GCC CTT ACA ATA GTG CGT GTT CAA GTG TCC GAC ATC	1461
	Pro Ser Leu Ser Ala Leu Thr Ile Val Arg Val Gln Val Ser Asp Ile	
	435 440 445	
25	AAT GAC AAC CCT CCA CAA TCT TCT CAA TCT TCC TAC GAC GTT TAC ATT	1509
	Asn Asp Asn Pro Pro Gln Ser Ser Gln Ser Ser Tyr Asp Val Tyr Ile	
	450 455 460 465	
30	GAA GAA AAC AAC CTC CCC GGG GCT CCA ATA CTA AAC CTA AGT GTC TGG	1557
	Glu Glu Asn Asn Leu Pro Gly Ala Pro Ile Leu Asn Leu Ser Val Trp	
	470 475 480	
35	GAC CCC GAC GCC CCG CAG AAT GCT CCG CTT TCT TTC TTT CTC TTG GAG	1605
	Asp Pro Asp Ala Pro Gln Asn Ala Arg Leu Ser Phe Phe Leu Leu Glu	
	485 490 495	
40	CAA GGA GCT GAA ACC GGG CTA GTG GGT CGC TAT TTC ACA ATA AAT CGT	1653
	Gln Gly Ala Glu Thr Gly Leu Val Gly Arg Tyr Phe Thr Ile Asn Arg	
	500 505 510	
45	GAC AAT GGC ATA GTG TCA TCC TTA GTG CCC CTA GAC TAT GAG GAT CGG	1701
	Asp Asn Gly Ile Val Ser Ser Leu Val Pro Leu Asp Tyr Glu Asp Arg	
	515 520 525	
50	CGG GAA TTT GAA TTA ACA GCT CAT ATC AGC GAT GGG GGC ACC CCG GTC	1749
	Arg Glu Phe Glu Leu Thr Ala His Ile Ser Asp Gly Gly Thr Pro Val	
	530 535 540 545	
55	CTA GCC ACC AAC ATC AGC GTG AAC ATA TTT GTC ACT GAT CGC AAT GAC	1797
	Leu Ala Thr Asn Ile Ser Val Asn Ile Phe Val Thr Asp Arg Asn Asp	
	550 555 560	
60	AAT GCC CCC CAG GTC CTA TAT CCT CCG CCA GGT GGG AGC TCG GTG GAG	1845
	Asn Ala Pro Gln Val Leu Tyr Pro Arg Pro Gly Gly Ser Ser Val Glu	
	565 570 575	
65	ATG CTG CCT CGA GGT ACC TCA GCT GGC CAC CTA GTG TCA CCG GTG GTA	1893
	Met Leu Pro Arg Gly Thr Ser Ala Gly His Leu Val Ser Arg Val Val	
	580 585 590	
70	GGC TGG GAC GCG GAT GCA GGG CAC AAT GCC TGG CTC TCC TAC AGT CTC	1941

	Gly Trp Asp Ala Asp Ala Gly His Asn Ala Trp Leu Ser Tyr Ser Leu	
	595 600 605	
5	TTT GGA TCC CCT AAC CAG AGC CTT TTT GCC ATA GGG CTG CAC ACT GGT Phe Gly Ser Pro Asn Gln Ser Leu Phe Ala Ile Gly Leu His Thr Gly	1989
	610 615 620 625	
10	CAA ATC AGT ACT GCC CGT CCA GTC CAA GAC ACA GAT TCA CCC AGG CAG Gln Ile Ser Thr Ala Arg Pro Val Gln Asp Thr Asp Ser Pro Arg Gln	2037
	630 635 640	
15	ACT CTC ACT GTC TTG ATC AAA GAC AAT GGG GAG CCT TCG CTC TCC ACC Thr Leu Thr Val Leu Ile Lys Asp Asn Gly Glu Pro Ser Leu Ser Thr	2085
	645 650 655	
20	ACT GCT ACC CTC ACT GTG TCA GTA ACC GAG GAC TCT CCT GAA GCC CGA Thr Ala Thr Leu Thr Val Ser Val Thr Glu Asp Ser Pro Glu Ala Arg	2133
	660 665 670	
25	GCC GAG TTC CCC TCT GGC TCT GCC CCC CGG GAG CAG AAA AAA AAT CTC Ala Glu Phe Pro Ser Gly Ser Ala Pro Arg Glu Gln Lys Lys Asn Leu	2181
	675 680 685	
30	ACC TTT TAT CTA CTT CTT TCT CTA ATC CTG GTT TCT GTG GGC TTC GTG Thr Phe Tyr Leu Leu Leu Ser Leu Ile Leu Val Ser Val Gly Phe Val	2229
	690 695 700 705	

	GTC ACA GTG TTC GGA GTA ATC ATA TTC AAA GTT TAC AAG TGG AAG CAG	2277
	Val Thr Val Phe Gly Val Ile Ile Phe Lys Val Tyr Lys Trp Lys Gln	
	710 715 720	
5	TCT AGA GAC CTA TAC CGA GCC CCG GTG AGC TCA CTG TAC CGA ACA CCA	2325
	Ser Arg Asp Leu Tyr Arg Ala Pro Val Ser Ser Leu Tyr Arg Thr Pro	
	725 730 735	
10	GGG CCC TCC TTG CAC GCG GAC GCC GTG CCG GGA GGC CTG ATG TCG CCG	2373
	Gly Pro Ser Leu His Ala Asp Ala Val Arg Gly Gly Leu Met Ser Pro	
	740 745 750	
15	CAC CTT TAC CAT CAG GTG TAT CTC ACC ACG GAC TCC CGC CGC AGC GAC	2421
	His Leu Tyr His Gln Val Tyr Leu Thr Thr Asp Ser Arg Arg Ser Asp	
	755 760 765	
20	CCG CTG CTG AAG AAA CCT GGT GCA GCC AGT CCA CTG GCC AGC CGC CAG	2469
	Pro Leu Leu Lys Lys Pro Gly Ala Ala Ser Pro Leu Ala Ser Arg Gln	
	770 775 780 785	
	AAC ACG CTG CCG AGC TGT GAT CCG GTG TTC TAT AGG CAG GTG TTG GGT	2517
	Asn Thr Leu Arg Ser Cys Asp Pro Val Phe Tyr Arg Gln Val Leu Gly	
	790 795 800	
25	GCA GAG AGC GCC CCT CCC GGA CAG GTA AGG TTT AGC AAG TCA TGC TTG	2565
	Ala Glu Ser Ala Pro Pro Gly Gln Val Arg Phe Ser Lys Ser Cys Leu	
	805 810 815	
30	ACC CTG TTA GTG CCT TTT TAT TCC TAC ATC ATA TTG AGA AGG CTG GAG	2613
	Thr Leu Leu Val Pro Phe Tyr Ser Tyr Ile Ile Leu Arg Arg Leu Glu	
	820 825 830	
35	CTG TTT TTT TAGTGATGAA GATGTTTCC TGGTGATGCA TTCACACTTT	2662
	Leu Phe Phe	
	835	
	CAACTGGCTC TTCCTAGATC AAAGTTAGTG CCTTTGTGAG ATGTTGGCCT GCCAGAGTGT	2722
40	GGTTTGTGGT CCATTTCAG GGGGAAGATA CTTGACTCAT CTGTGGACCT AATTCACATC	2782
	CTCAGCG	2789
45	(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 105:	
	(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:	
	(A) LENGDE: 836 aminosyrer	
	(B) TYPE: aminosyre	
	(D) TOPOLOGI: linear	
50	(ii) MOLEKYLTYP: protein	
	(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 105:	
55	Met Val Pro Glu Ala Trp Arg Ser Gly Leu Val Ser Thr Gly Arg Val	
	1 5 10 15	

	Val Gly Val Leu Leu Leu Leu Gly Ala Leu Asn Lys Ala Ser Thr Val
	20 25 30
5	Ile His Tyr Glu Ile Pro Glu Glu Arg Glu Lys Gly Phe Ala Val Gly
	35 40 45
	Asn Val Val Ala Asn Leu Gly Leu Asp Leu Gly Ser Leu Ser Ala Arg
	50 55 60
10	Arg Phe Pro Val Val Ser Gly Ala Ser Arg Arg Phe Phe Glu Val Asn
	65 70 75 80
	Arg Glu Thr Gly Glu Met Phe Val Asn Asp Arg Leu Asp Arg Glu Glu
	85 90 95
15	Leu Cys Gly Thr Leu Pro Ser Cys Thr Val Thr Leu Glu Leu Val Val
	100 105 110
	Glu Asn Pro Leu Glu Leu Phe Ser Val Glu Val Val Ile Gln Asp Ile
20	115 120 125
	Asn Asp Asn Asn Pro Ala Phe Pro Thr Gln Glu Met Lys Leu Glu Ile
	130 135 140
25	Ser Glu Ala Val Ala Pro Gly Thr Arg Phe Pro Leu Glu Ser Ala His
	145 150 155 160

Asp Pro Asp Leu Gly Ser Asn Ser Leu Gln Thr Tyr Glu Leu Ser Arg
 165 170 175

5 Asn Glu Tyr Phe Ala Leu Arg Val Gln Thr Arg Glu Asp Ser Thr Lys
 180 185 190

Tyr Ala Glu Leu Val Leu Glu Arg Ala Leu Asp Arg Glu Arg Glu Pro
 195 200 205

10 Ser Leu Gln Leu Val Leu Thr Ala Leu Asp Gly Gly Thr Pro Ala Leu
 210 215 220

Ser Ala Ser Leu Pro Ile His Ile Lys Val Leu Asp Ala Asn Asp Asn
 225 230 235 240

15 Ala Pro Val Phe Asn Gln Ser Leu Tyr Arg Ala Arg Val Pro Gly Gly
 245 250 255

Cys Thr Ser Gly Thr Arg Val Val Gln Val Leu Ala Thr Asp Leu Asp
 260 265 270

20 Glu Gly Pro Asn Gly Glu Ile Ile Tyr Ser Phe Gly Ser His Asn Arg
 275 280 285

25 Ala Gly Val Arg Gln Leu Phe Ala Leu Asp Leu Val Thr Gly Met Leu
 290 295 300

Thr Ile Lys Gly Arg Leu Asp Phe Glu Asp Thr Lys Leu His Glu Ile
 305 310 315 320

30 Tyr Ile Gln Ala Lys Asp Lys Gly Ala Asn Pro Glu Gly Ala His Cys
 325 330 335

Lys Val Leu Val Glu Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro Glu Ile
 340 345 350

35 Thr Val Thr Ser Val Tyr Ser Pro Val Pro Glu Asp Ala Ser Gly Thr
 355 360 365

40 Val Ile Ala Leu Leu Ser Val Thr Asp Leu Asp Ala Gly Glu Asn Gly
 370 375 380

Leu Val Thr Cys Glu Val Pro Pro Gly Leu Pro Phe Ser Leu Thr Ser
 385 390 395 400

45 Ser Leu Lys Asn Tyr Phe Thr Leu Lys Thr Ser Ala Asp Leu Asp Arg
 405 410 415

Glu Thr Val Pro Glu Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala Arg Asp Ala Gly
 420 425 430

50 Thr Pro Ser Leu Ser Ala Leu Thr Ile Val Arg Val Gln Val Ser Asp
 435 440 445

55 Ile Asn Asp Asn Pro Pro Gln Ser Ser Gln Ser Ser Tyr Asp Val Tyr
 450 455 460

5

10

15

20

25

Leu Phe Gly Ser Pro Asn Gln Ser Leu Phe Ala Ile Gly Leu His Thr
 610 615 620
 Gly Gln Ile Ser Thr Ala Arg Pro Val Gln Asp Thr Asp Ser Pro Arg
 5 625 630 635 640
 Gln Thr Leu Thr Val Leu Ile Lys Asp Asn Gly Glu Pro Ser Leu Ser
 645 650 655
 10 Thr Thr Ala Thr Leu Thr Val Ser Val Thr Glu Asp Ser Pro Glu Ala
 660 665 670
 Arg Ala Glu Phe Pro Ser Gly Ser Ala Pro Arg Glu Gln Lys Lys Asn
 675 680 685
 15 Leu Thr Phe Tyr Leu Leu Leu Ser Leu Ile Leu Val Ser Val Gly Phe
 690 695 700
 Val Val Thr Val Phe Gly Val Ile Ile Phe Lys Val Tyr Lys Trp Lys
 20 705 710 715 720
 Gln Ser Arg Asp Leu Tyr Arg Ala Pro Val Ser Ser Leu Tyr Arg Thr
 725 730 735
 25 Pro Gly Pro Ser Leu His Ala Asp Ala Val Arg Gly Gly Leu Met Ser
 740 745 750
 Pro His Leu Tyr His Gln Val Tyr Leu Thr Thr Asp Ser Arg Arg Ser
 755 760 765
 30 Asp Pro Leu Leu Lys Lys Pro Gly Ala Ala Ser Pro Leu Ala Ser Arg
 770 775 780
 Gln Asn Thr Leu Arg Ser Cys Asp Pro Val Phe Tyr Arg Gln Val Leu
 35 785 790 795 800
 Gly Ala Glu Ser Ala Pro Pro Gly Gln Val Arg Phe Ser Lys Ser Cys
 805 810 815
 40 Leu Thr Leu Leu Val Pro Phe Tyr Ser Tyr Ile Ile Leu Arg Arg Leu
 820 825 830
 Glu Leu Phe Phe
 835
 45

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 106:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 2751 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(ix) KARAKTERISTISK TREKK:

(A) NAVN/NØKKEL: CDS

(B) LOKALISERING: 115..2160

5	(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 106:	
	CGAAAGCCAT GTCGGACTCG TCGCCACGCG CCCAAGCGCT AACCGCTGA AAGTTTCTCA	60
10	GCGAAATCTC AGGGACGATC TGGACCCCGC TGAGAGGAAC TGCTTTTGAG TGAG ATG	117
	Met	
	1	
15	GTC CCA GAG GCC TGG AGG AGC GGA CTG GTA AGC ACC GGG AGG GTA GTG	165
	Val Pro Glu Ala Trp Arg Ser Gly Leu Val Ser Thr Gly Arg Val Val	
	5 10 15	
20	GGA GTT TTG CTT CTG CTT GGT GCC TTG AAC AAG GCT TCC ACG GTC ATT	213
	Gly Val Leu Leu Leu Leu Gly Ala Leu Asn Lys Ala Ser Thr Val Ile	
	20 25 30	
25	CAC TAT GAG ATC CCG GAG GAA AGA GAG AAG GGT TTC GCT GTG GGC AAC	261
	His Tyr Glu Ile Pro Glu Glu Arg Glu Lys Gly Phe Ala Val Gly Asn	
	35 40 45	
30	GTG GTC GCG AAC CTT GGT TTG GAT CTC GGT AGC CTC TCA GCC CGC AGG	309
	Val Val Ala Asn Leu Gly Leu Asp Leu Gly Ser Leu Ser Ala Arg Arg	
	50 55 60 65	
35	TTC CCG GTG GTG TCT GGA GCT AGC CGA AGA TTC TTT GAG GTG AAC CGG	357
	Phe Pro Val Val Ser Gly Ala Ser Arg Arg Phe Phe Glu Val Asn Arg	
	70 75 80	
40	GAG ACC GGA GAG ATG TTT GTG AAC GAC CGT CTG GAT CGA GAG GAG CTG	405
	Glu Thr Gly Glu Met Phe Val Asn Asp Arg Leu Asp Arg Glu Glu Leu	
	85 90 95	
45	TGT GGG ACA CTG CCC TCT TGC ACT GTA ACT CTG GAG TTG GTA GTG GAG	453
	Cys Gly Thr Leu Pro Ser Cys Thr Val Thr Leu Glu Leu Val Val Glu	
	100 105 110	
50	AAC CCG CTG GAG CTG TTC AGC GTG GAA GTG GTG ATC CAG GAC ATC AAC	501
	Asn Pro Leu Glu Leu Phe Ser Val Glu Val Val Ile Gln Asp Ile Asn	
	115 120 125	
55	GAC AAC AAT CCT GCT TTC CCT ACC CAG GAA ATG AAA TTG GAG ATT AGC	549
	Asp Asn Asn Pro Ala Phe Pro Thr Gln Glu Met Lys Leu Glu Ile Ser	
	130 135 140 145	
60	GAG GCC GTG GCT CCG GGG ACG CGC TTT CCG CTC GAG AGC GCG CAC GAT	597
	Glu Ala Val Ala Pro Gly Thr Arg Phe Pro Leu Glu Ser Ala His Asp	
	150 155 160	
65	CCC GAT CTG GGA AGC AAC TCT TTA CAA ACC TAT GAG CTG AGC CGA AAT	645
	Pro Asp Leu Gly Ser Asn Ser Leu Gln Thr Tyr Glu Leu Ser Arg Asn	
	165 170 175	
70	GAA TAC TTT GCG CTT CGC GTG CAG ACG CGG GAG GAC AGC ACC AAG TAC	693

	Glu Tyr Phe Ala Leu Arg Val Gln Thr Arg Glu Asp Ser Thr Lys Tyr	
	180 185 190	
5	GCG GAG CTG GTG TTG GAG CGC GCC CTG GAC CGA GAA CCG GAG CCT AGT Ala Glu Leu Val Leu Glu Arg Ala Leu Asp Arg Glu Arg Glu Pro Ser	741
	195 200 205	
10	CTC CAG TTA GTG CTG ACG GCG TTG GAC GGA GGG ACC CCA GCT CTC TCC Leu Gln Leu Val Leu Thr Ala Leu Asp Gly Gly Thr Pro Ala Leu Ser	789
	210 215 220 225	
15	GCC AGC CTG CCT ATT CAC ATC AAG GTG CTG GAC GCG AAT GAC AAT GCG Ala Ser Leu Pro Ile His Ile Lys Val Leu Asp Ala Asn Asp Asn Ala	837
	230 235 240	
	CCT GTC TTC AAC CAG TCC TTG TAC CGG GCG CGC GTT CCT GGA GGA TGC Pro Val Phe Asn Gln Ser Leu Tyr Arg Ala Arg Val Pro Gly Gly Cys	885
	245 250 255	
20	ACC TCC GGC ACG CGC GTG GTA CAA GTC CTT GCA ACG GAT CTG GAT GAA Thr Ser Gly Thr Arg Val Val Gln Val Leu Ala Thr Asp Leu Asp Glu	933
	260 265 270	
25	GGC CCC AAC GGT GAA ATT ATT TAC TCC TTC GGC AGC CAC AAC CGC GCC Gly Pro Asn Gly Glu Ile Ile Tyr Ser Phe Gly Ser His Asn Arg Ala	981
	275 280 285	
30	GGC GTG CGG CAA CTA TTC GCC TTA GAC CTT GTA ACC GGG ATG CTG ACA Gly Val Arg Gln Leu Phe Ala Leu Asp Leu Val Thr Gly Met Leu Thr	1029
	290 295 300 305	
35	ATC AAG GGT CCG CTG GAC TTC GAG GAC ACC AAA CTC CAT GAG ATT TAC Ile Lys Gly Arg Leu Asp Phe Glu Asp Thr Lys Leu His Glu Ile Tyr	1077
	310 315 320	
	ATC CAG GCC AAA GAC AAG GGC GCC AAT CCC GAA GGA GCA CAT TGC AAA Ile Gln Ala Lys Asp Lys Gly Ala Asn Pro Glu Gly Ala His Cys Lys	1125
	325 330 335	
40	GTG TTG GTG GAG GTT GTG GAT GTG AAT GAC AAC GCC CCG GAG ATC ACA Val Leu Val Glu Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro Glu Ile Thr	1173
	340 345 350	
45	GTC ACC TCC GTG TAC AGC CCA GTA CCC GAG GAT GCC TCT GGG ACT GTC Val Thr Ser Val Tyr Ser Pro Val Pro Glu Asp Ala Ser Gly Thr Val	1221
	355 360 365	
50	ATC GCT TTG CTC AGT GTG ACT GAC CTG GAT GCT GGC GAG AAC GGG CTG Ile Ala Leu Leu Ser Val Thr Asp Leu Asp Ala Gly Glu Asn Gly Leu	1269
	370 375 380 385	
55	GTG ACC TGC GAA GTT CCA CCG GGT CTC CCT TTC AGC CTT ACT TCT TCC Val Thr Cys Glu Val Pro Pro Gly Leu Pro Phe Ser Leu Thr Ser Ser	1317
	390 395 400	

	CTC AAG AAT TAC TTC ACT TTG AAA ACC AGT GCA GAC CTG GAT CGG GAG	1365
	Leu Lys Asn Tyr Phe Thr Leu Lys Thr Ser Ala Asp Leu Asp Arg Glu	
	405 410 415	
5	ACT GTG CCA GAA TAC AAC CTC AGC ATC ACC GCC CGA GAC GCC GGA ACC	1413
	Thr Val Pro Glu Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala Arg Asp Ala Gly Thr	
	420 425 430	
10	CCT TCC CTC TCA GCC CTT ACA ATA GTG CGT GTT CAA GTG TCC GAC ATC	1461
	Pro Ser Leu Ser Ala Leu Thr Ile Val Arg Val Gln Val Ser Asp Ile	
	435 440 445	
15	AAT GAC AAC CCT CCA CAA TCT TCT CAA TCT TCC TAC GAC GTT TAC ATT	1509
	Asn Asp Asn Pro Pro Gln Ser Ser Gln Ser Ser Tyr Asp Val Tyr Ile	
	450 455 460 465	
20	GAA GAA AAC AAC CTC CCC GGG GCT CCA ATA CTA AAC CTA AGT GTC TGG	1557
	Glu Glu Asn Asn Leu Pro Gly Ala Pro Ile Leu Asn Leu Ser Val Trp	
	470 475 480	
	GAC CCC GAC GCC CCG CAG AAT GCT CGG CTT TCT TTC TTT CTC TTG GAG	1605
	Asp Pro Asp Ala Pro Gln Asn Ala Arg Leu Ser Phe Phe Leu Leu Glu	
	485 490 495	
25	CAA GGA GCT GAA ACC GGG CTA GTG GGT CGC TAT TTC ACA ATA AAT CGT	1653
	Gln Gly Ala Thr Gly Leu Val Gly Arg Tyr Phe Thr Ile Asn Arg	
	500 505 510	
30	GAC AAT GGC ATA GTG TCA TCC TTA GTG CCC CTA GAC TAT GAG GAT CGG	1701
	Asp Asn Gly Ile Val Ser Ser Leu Val Pro Leu Asp Tyr Glu Asp Arg	
	515 520 525	
35	CGG GAA TTT GAA TTA ACA GCT CAT ATC AGC GAT GGG GGC ACC CCG GTC	1749
	Arg Glu Phe Glu Leu Thr Ala His Ile Ser Asp Gly Gly Thr Pro Val	
	530 535 540 545	
40	CTA GCC ACC AAC ATC AGC GTG AAC ATA TTT GTC ACT GAT CGC AAT GAC	1797
	Leu Ala Thr Asn Ile Ser Val Asn Ile Phe Val Thr Asp Arg Asn Asp	
	550 555 560	
	AAT GCC CCC CAG GTC CTA TAT CCT CGG CCA GGT GGG AGC TCG GTG GAG	1845
	Asn Ala Pro Gln Val Leu Tyr Pro Arg Pro Gly Gly Ser Ser Val Glu	
	565 570 575	
45	ATG CTG CCT CGA GGT ACC TCA GCT GGC CAC CTA GTG TCA CGG GTG GTA	1893
	Met Leu Pro Arg Gly Thr Ser Ala Gly His Leu Val Ser Arg Val Val	
	580 585 590	
50	GGC TGG GAC GCG GAT GCA GGG CAC AAT GCC TGG CTC TCC TAC AGT CTC	1941
	Gly Trp Asp Ala Asp Ala Gly His Asn Ala Trp Leu Ser Tyr Ser Leu	
	595 600 605	
55	TTT GGA TCC CCT AAC CAG AGC CTT TTT GCC ATA GGG CTG CAC ACT GGT	1989
	Phe Gly Ser Pro Asn Gln Ser Leu Phe Ala Ile Gly Leu His Thr Gly	
	610 615 620 625	
	CAA ATC AGT ACT GCC CGT CCA GTC CAA GAC ACA GAT TCA CCC AGG CAG	2037

Gln Ile Ser Thr Ala Arg Pro Val Gln Asp Thr Asp Ser Pro Arg Gln
630 635 640

5 ACT CTC ACT GTC TTG ATC AAA GAC AAT GGG GAG CCT TCG CTC TCC ACC 2085
Thr Leu Thr Val Leu Ile Lys Asp Asn Gly Glu Pro Ser Leu Ser Thr
645 650 655

10 ACT GCT ACC CTC ACT GTG TCA GTA ACC GAG GAC TCT CCT GAA GCC CGA 2133
Thr Ala Thr Leu Thr Val Ser Val Thr Glu Asp Ser Pro Glu Ala Arg
660 665 670

15 GCC GAG TTC CCC TCT GGC TCT GCC AGT TAAACCTTCT TTAATTATGG 2180
Ala Glu Phe Pro Ser Gly Ser Ala Ser
675 680

ATTAGCCATT AACATTTTGG AAACGTGGAC CATTTAACCT CGGCCTACCC CTCCTCAACTG 2240

20 TCCTGGTGAT GAGTTCATTA GCTAAGTTAA ATTAATTGAA CTTTGATCTA AACCAAAACA 2300

AATCAGGAAA ATAAAGCTGT AAAGGAACTT ATCAAGCATT CCAAAACCAA CTAGAAATTA 2360

CTTGAAGTTT CGAGTGAGCA TTGCCTGTGC CAGTATTCTT CATTATAGGA TTATAAACTC 2420

25 GTTTTTTTTCC CAAAGCCCAT GTCTACGCCA GGCAGAGGAG TAATTATTCA GCCAATTTCA 2480

TGGATGTAAC GATGGATATA AATAATTGAT AGCACCTAGA GGCTTCCAGT TTGGGTGGAA 2540

GGCTAAAAGT AGAGGGGAAC TCACTCACTT GAGAAATGAT ATTTAAGTGA ATAATAGTT 2600

30 CTCTTCTATG AAACATTAC TATTTAGTTC TCTGGAAAAC TTAAGTGTAT TAATGATTAG 2660

AACATCAAAAT CCTAAGTAAA GAAATGACAT TTAAATATA AAAAGCCAAA CTTTAAATAA 2720

ATCATAGAGA CCTCAGACAT AATATAGGAA A 2751

35

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 107:

40 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 682 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
(D) TOPOLOGI: linear

45 (ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 107:

Met Val Pro Glu Ala Trp Arg Ser Gly Leu Val Ser Thr Gly Arg Val
1 5 10 15

50 Val Gly Val Leu Leu Leu Leu Gly Ala Leu Asn Lys Ala Ser Thr Val
20 25 30

Ile His Tyr Glu Ile Pro Glu Glu Arg Glu Lys Gly Phe Ala Val Gly
35 40 45

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

	50	55	60
	Arg Phe Pro Val Val Ser Gly Ala Ser Arg Arg Phe Phe Glu Val Asn		
	65	70	75 80
5	Arg Glu Thr Gly Glu Met Phe Val Asn Asp Arg Leu Asp Arg Glu Glu		
	85	90	95
	Leu Cys Gly Thr Leu Pro Ser Cys Thr Val Thr Leu Glu Leu Val Val		
10	100	105	110
	Glu Asn Pro Leu Glu Leu Phe Ser Val Glu Val Val Ile Gln Asp Ile		
	115	120	125
15	Asn Asp Asn Asn Pro Ala Phe Pro Thr Gln Glu Met Lys Leu Glu Ile		
	130	135	140
	Ser Glu Ala Val Ala Pro Gly Thr Arg Phe Pro Leu Glu Ser Ala His		
20	145	150	155 160
	Asp Pro Asp Leu Gly Ser Asn Ser Leu Gln Thr Tyr Glu Leu Ser Arg		
	165	170	175
	Asn Glu Tyr Phe Ala Leu Arg Val Gln Thr Arg Glu Asp Ser Thr Lys		
25	180	185	190
	Tyr Ala Glu Leu Val Leu Glu Arg Ala Leu Asp Arg Glu Arg Glu Pro		
	195	200	205
30	Ser Leu Gln Leu Val Leu Thr Ala Leu Asp Gly Gly Thr Pro Ala Leu		
	210	215	220
	Ser Ala Ser Leu Pro Ile His Ile Lys Val Leu Asp Ala Asn Asp Asn		
35	225	230	235 240
	Ala Pro Val Phe Asn Gln Ser Leu Tyr Arg Ala Arg Val Pro Gly Gly		
	245	250	255
	Cys Thr Ser Gly Thr Arg Val Val Gln Val Leu Ala Thr Asp Leu Asp		
40	260	265	270
	Glu Gly Pro Asn Gly Glu Ile Ile Tyr Ser Phe Gly Ser His Asn Arg		
	275	280	285
45	Ala Gly Val Arg Gln Leu Phe Ala Leu Asp Leu Val Thr Gly Met Leu		
	290	295	300
	Thr Ile Lys Gly Arg Leu Asp Phe Glu Asp Thr Lys Leu His Glu Ile		
50	305	310	315 320
	Tyr Ile Gln Ala Lys Asp Lys Gly Ala Asn Pro Glu Gly Ala His Cys		
	325	330	335
	Lys Val Leu Val Glu Val Val Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro Glu Ile		
55	340	345	350

Thr Val Thr Ser Val Tyr Ser Pro Val Pro Glu Asp Ala Ser Gly Thr
 355 360 365

5 Val Ile Ala Leu Leu Ser Val Thr Asp Leu Asp Ala Gly Glu Asn Gly
 370 375 380

Leu Val Thr Cys Glu Val Pro Pro Gly Leu Pro Phe Ser Leu Thr Ser
 385 390 395 400

10 Ser Leu Lys Asn Tyr Phe Thr Leu Lys Thr Ser Ala Asp Leu Asp Arg
 405 410 415

Glu Thr Val Pro Glu Tyr Asn Leu Ser Ile Thr Ala Arg Asp Ala Gly
 420 425 430

15 Thr Pro Ser Leu Ser Ala Leu Thr Ile Val Arg Val Gln Val Ser Asp
 435 440 445

Ile Asn Asp Asn Pro Pro Gln Ser Ser Gln Ser Ser Tyr Asp Val Tyr
 450 455 460

20 Ile Glu Glu Asn Asn Leu Pro Gly Ala Pro Ile Leu Asn Leu Ser Val
 465 470 475 480

25 Trp Asp Pro Asp Ala Pro Gln Asn Ala Arg Leu Ser Phe Phe Leu Leu
 485 490 495

Glu Gln Gly Ala Glu Thr Gly Leu Val Gly Arg Tyr Phe Thr Ile Asn
 500 505 510

30 Arg Asp Asn Gly Ile Val Ser Ser Leu Val Pro Leu Asp Tyr Glu Asp
 515 520 525

Arg Arg Glu Phe Glu Leu Thr Ala His Ile Ser Asp Gly Gly Thr Pro
 530 535 540

35 Val Leu Ala Thr Asn Ile Ser Val Asn Ile Phe Val Thr Asp Arg Asn
 545 550 555 560

40 Asp Asn Ala Pro Gln Val Leu Tyr Pro Arg Pro Gly Gly Ser Ser Val
 565 570 575

Glu Met Leu Pro Arg Gly Thr Ser Ala Gly His Leu Val Ser Arg Val
 580 585 590

45 Val Gly Trp Asp Ala Asp Ala Gly His Asn Ala Trp Leu Ser Tyr Ser
 595 600 605

Leu Phe Gly Ser Pro Asn Gln Ser Leu Phe Ala Ile Gly Leu His Thr
 610 615 620

50 Gly Gln Ile Ser Thr Ala Arg Pro Val Gln Asp Thr Asp Ser Pro Arg
 625 630 635 640

55 Gln Thr Leu Thr Val Leu Ile Lys Asp Asn Gly Glu Pro Ser Leu Ser
 645 650 655

Thr Thr Ala Thr Leu Thr Val Ser Val Thr Glu Asp Ser Pro Glu Ala
660 665 670

Arg Ala Glu Phe Pro Ser Gly Ser Ala Ser
675 680

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 108:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

- (A) LENGDE: 2831 basepar
- (B) TYPE: nukleinsyre
- (C) TRÅDETHET: enkel
- (D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: cDNA

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 108:

GAATTCGSCA CGAGGCTGAA CTGAGGGTGA CGGACATAAA CGACTATTCT CCAGTGTTC 60

GTGAAAGAGA AATGATACTG AGGATACCAG AAAACAGTGC TCGGGGAAAT ACATTCCCTT 120

TAAACAATGC TCTGGACTCA GACGTAGATA TCAACAATAT CCAGACCTAT AGGCTCAGCT 180

CAAACTCTCA TTTCCTGGTT GTAAACCGCA ACCGCAGTGA TGGCAGGAAG TACCCAGAGC 240

TGGTGTCTGA GAAAGAAGCT GATCGAGAGG AGGAACCTGA GCTGAGGTTA ACGCTGACAG 300

CTTTGGATGG TGGCTCTCCT CCCCCTCTG GGAACGACACA GGTCTCTATT GAAGTAGTGG 360

ACACCAACGA TAATGCACCC GAGTTTCAGC AGCCAACATA CCAAGTGCAA ACTCCCGAGA 420

ACAGTCCAC CGGCTCTCTG GTACTCACAG TCTCAGCCAA TGACTTAGAC AGTGGAGACT 480

ATGGGAAAGT CTGTGACGCA CTTTCGCAAC CCTCAGAAGA TATTACAAA ACATTGAGG 540

TAAACCTGT AAACCGGGAA ATTGCCTAC GAAAAGAGGT GAATTTTGAA ACTATTCCTT 600

CGTATGAAGT GGTATCAAG GGGACGACG GGGGAGGTCT CTCAGGAAAA TGCACCTCTG 660

TACTGCAGGT GGTGGACGTG AATGACAATG CCCAGAAGT GATGCTATCT GCGCTAACCA 720

ACCCAGTCCC AGAAAATTCC CCGATGAGG TAGTGGCTGT TTTCAGTGTT AGAGATCCTG 780

ACTCTGGGAA CAACGGAAAA GTGATTGCAT CCATCGAGGA AGACCTGCCC TTTCTTCTAA 840

AATCTTCAGG AAAGAACTTT TACATTTAG TAACCAAGGG AGCACTTGAC AGGGAAGAAA 900

GAGAGCAATT GAACATCACC ATCAGTCA CTGACCTGGG CATACCCAGG CTCACCACCC 960

AACACACCAT AACAGTGCAG GTGGCAGACA TCAACGACAA TGCCCCCTCC TTCACCCAAA 1020

CCTCTACAC CATGTTTGTG CGGAGAAACA ACAGCCCCGC CCTGCACATA GGCACCATCA 1080

GCGCCACAGA CTCAGACTCA GGATCCAATG CCCACATCAC CTACTGCTG CTACCGCCCC 1140

	AAGACCCACA GCTGGCCCTC GACTCGCTCA TCTCCATCAA TGTAGACAAC GGGCAGCTGT	1200
	TGCGGCTCAG GGCCTAGAC TATGAGGCTC TGCAGGCTT CGAGTTCCAT GTGGGCGCCA	1260
5	CAGACCAAGG CTGGCCCGG CTCAGCAGCC AGGCTCTGCT GCACGTGGTG GTGTTGGACG	1320
	ACAATGACAA TGCGCCCTTC GTGCTCTACC CGCTGCAAAA CGCCTCTGCA CCTTCACTG	1380
10	AGCTGCTGCC CAGGGCGGCA GAGCCTGGAT ACCTGGTTAC CAAGGTGGTA GCTGTGGACC	1440
	GCGACTCTGG CCAGAATGCC TGGCTGTCT TCCAGCTGCT CAAGGCCACG GAGCCCGGGC	1500
	TGTTCAACGT ATGGGCGCAC AATGGCGAGG TACGCACCTC CAGGCTGCTG AGCGAGCGCG	1560
15	ACGCACCCAA GCACAAGCTG CTGCTGTTGG TCAAGGACAA TGGAGATCCT CCACGCTCTG	1620
	CCAGTGTTAC TCTGCAGTG CTAGTGGTGG ATGCCTTCTC TCAGCCCTAC CTGCCTCTGC	1680
20	CAGAGGTGGC GCACGACCCT GCACAAGAAG AAGATGCGCT AACACTCTAC CTGGTCATAG	1740
	CTTTGGCATC TGTGCTTCT CTCTTCTCT TGTCTGTGCT GCTGTTCTG GGGGTGAGGC	1800
	TCTGCAGGAG GGCCAGGGCA GCCTCTCTGA GTGCCTATTC TGTGCCTGAA GGCCACTTTC	1860
25	CTGGCCAGCT GGTGGATGTC AGAGGTATGG GGACCCTGTC CCAGAGCTAC CAGTATGATG	1920
	TATGTCTGAT GGGGATTCT TCTGGGACCA GCGAATTTAA CTCTTAAAG CCAGTTCTGC	1980
30	CTAGTCTCT GCACCAGTGC TCTGGGAAAG AAATAGAGGA AAATCCACA CTCCAGAATA	2040
	GTTTGGGTT TCATCAITAA TAGAAACTA CTTTACAGAT ATTAAATCC AAATATCATC	2100
	TTGTTGATTA ACTAAAGTCT GTTCACATGT AGCTAGCTAG CAACGATTTT AATGTTCACT	2160
35	TTACCCATCT TTTTCAGGG TCATGTCTAA AGCTACAAGT TTGNCCTTAC TTATACTTGT	2220
	CGCACAGAAT NNNNNNNNNN TGGTGATATA GTCAAGTCA TGGGATACGT GCACAAGATG	2280
40	GCAGCTTGAT TGCTCAGTTA TGGCTGCAAA GGGGNGCTTG AGTTTAGGGA ATGTGTTAGA	2340
	GCTGGAATAA GTTTTCTGAG AAATGTGTAA GACAAATTC TTTGCACAT TCCCTGTGTT	2400
	CCTGTACCCC TGTTCAGG ACTACGAAAT GTGTCTCAG AAGGCATGCT CACATTTTCC	2460
45	CCTTGTGTTG CGTGACCCGG GTGCCAGAAA TTAAATAAAA TTAGCATGGA GTTCAATGCA	2520
	GCATTAAAC AAAGTTACTT CTACAAACCT TTTATTGAC GGTAAAAATT GTAACTTCCC	2580
50	CACCCATGAG GCTGGCTGTA AGAACCAGTA TGAATGGGTG TCTATGCAA CCTTATTTTC	2640
	AAAAATCAAA CAAAAGGAGA AATGAGAGAC CAAACAACAC GCTACAGGAA AGATTTTCATA	2700
	AGGATGTATG TATGGACACA AAAACTGGGA TACAGACATT TTAAATCTGT TGGTACCACA	2760
55	TGGTGGCGCT GCAGGCTAAA GAAATGCAAG GGAAATTAAA AAGAGGCTGA GCTAGAAGTC	2820

AAAAAAAAA A

2831

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 109:

5 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 3353 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

10

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

15

(ix) KARAKTERISTISK TREKK:
 (A) NAVN/NØKKEL: CDS
 (B) LOKALISERING: 763..3123

20

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 109:

GTATTTTCC ACAGTTTAA ATTTCATAA AATCATAACT CTCTGACTTT ATGTAGAAG 60
 GATACCACAC TGGAAATTAAC GTGTAGCTTT TTCTTGATGT AATCCAACCA ATGGGAGCAC 120
 25 AATTCTGGTA CATAGGCTGT CTAGAATTG AAAGAAATTA AAGAATTCAT TTGTTTTGC 180
 TGATAAATTT TTAAGAAATC ACGTGGCTTT ATGTTATTAT TATTACAAGA TGACTGATCA 240
 CTATTATGTC TTCTTTCACT TCTCAATTC CCTCAGAACA CTACCCAG ACTACAGGT 300
 30 CTGGAGGGTG GGGACCATGT CTGGGTTGTT TACTGATGTA TTTCATAATT TGGCACATAG 360
 AGACCAATAA TACTCCTTTA AATGAAGAAA TTAATAATTA CCATTGCGTG ATATTGTGAT 420
 35 TACATCATT CTCTCCCAATT TCCAACTCC TAATAGAATA GAGAATAGAT CAATTGTAGC 480
 AATTGTTTC GAAGCAAAGA CAACGCATGG TGGCGCTGCA GGCTAAGGCT TCAAAAAAG 540
 GAAAAGGAAA AAGCCCATGA AATGCTACTA GCTACTTCAG ACCTCTTTCA GCCTAAGAGG 600
 40 AAAGCTGTT AGCAGAGCAC GGACCACTGT CTCGGAGAA TGCTATTCTC CTACATTTCC 660
 GAACAGGTTA TCAACGCACA GATCGATCAC TGCCTCTGTC CCATCGCTCC CTGAAGTAGC 720
 45 TCTGACTCCG GTTCTTGAA AGGGGCTGT ACAGAAGTAA AG ATG GAG CCT GCA 774
 Met Glu Pro Ala
 1
 GGG GAG CGC TTT CCC GAA CAA AGG CAA GTC CTG ATT CTC CTT CTT TTA 822
 50 Gly Glu Arg Phe Pro Glu Gln Arg Gln Val Leu Ile Leu Leu Leu
 5 10 15 20
 CTG GAA GTG ACT CTG GCA GGC TGG GAA CCC CGT CGC TAT TCT GTG ATG 870
 55 Leu Glu Val Thr Leu Ala Gly Trp Glu Pro Arg Arg Tyr Ser Val Met
 25 30 35
 GAG GAA ACA GAG AGA GGT TCT TTT GTA GCC AAC CTG GCC AAT GAC CTA 918

	Glu Glu Thr Glu Arg Gly Ser Phe Val Ala Asn Leu Ala Asn Asp Leu	
	40 45 50	
5	GGC CTG GGA GTG GGG GAG CTA GCC GAG CCG GGA GCC CCG GTA GTT TCT Gly Leu Gly Val Gly Glu Leu Ala Glu Arg Gly Ala Arg Val Val Ser	966
	55 60 65	
10	GAG GAT AAC GAA CAA GGC TTG CAG CTT GAT CTG CAG ACC GGG CAG TTG Glu Asp Asn Glu Gln Gly Leu Gln Leu Asp Leu Gln Thr Gly Gln Leu	1014
	70 75 80	
15	ATA TTA AAT GAG AAG CTG GAC CCG GAG AAG CTG TGT GGC CCT ACT GAG Ile Leu Asn Glu Lys Leu Asp Arg Glu Lys Leu Cys Gly Pro Thr Glu	1062
	85 90 95 100	
	CCC TGT ATA ATG CAT TTC CAA GTG TTA CTG AAA AAA CCT TTG GAA GTA Pro Cys Ile Met His Phe Gln Val Leu Leu Lys Lys Pro Leu Glu Val	1110
	105 110 115	
20	TTT CGA GCT GAA CTA CTA GTG ACA GAC ATA AAC GAT CAT TCT CCT GAG Phe Arg Ala Glu Leu Leu Val Thr Asp Ile Asn Asp His Ser Pro Glu	1158
	120 125 130	
25	TTT CCT GAA AGA GAA ATG ACC CTG AAA ATC CCA GAA ACT AGC TCC CTT Phe Pro Glu Arg Glu Met Thr Leu Lys Ile Pro Glu Thr Ser Ser Leu	1206
	135 140 145	

	GGG ACT GTG TTT CCT CTG AAA AAA GCT CGG GAC TTG GAC GTG GGC AGC	1254
	Gly Thr Val Phe Pro Leu Lys Lys Ala Arg Asp Leu Asp Val Gly Ser	
	150 155 160	
5	AAT AAT GTT CAA AAC TAC AAT ATT TCT CCC AAT TCT CAT TTC CAT GTT	1302
	Asn Asn Val Gln Asn Tyr Asn Ile Ser Pro Asn Ser His Phe His Val	
	165 170 175 180	
10	TCC ACT CGC ACC CGA GGG GAT GGC AGG AAA TAC CCA GAG CTG GTG CTG	1350
	Ser Thr Arg Thr Arg Gly Asp Gly Arg Lys Tyr Pro Glu Leu Val Leu	
	185 190 195	
15	GAC ACA GAA CTG GAT CGC GAG GAG CAG GCC GAG CTC AGA TTA ACC TTG	1398
	Asp Thr Glu Leu Asp Arg Glu Glu Gln Ala Glu Leu Arg Leu Thr Leu	
	200 205 210	
20	ACA GCG GTG GAC GGT GGC TCT CCA CCC CGA TCT GGC ACC GTC CAG ATC	1446
	Thr Ala Val Asp Gly Gly Ser Pro Pro Arg Ser Gly Thr Val Gln Ile	
	215 220 225	
25	CTC ATC TTG GTC TTG GAC GCC AAT GAC AAT GCC CCG GAG TTT GTG CAG	1494
	Leu Ile Leu Val Leu Asp Ala Asn Asp Asn Ala Pro Glu Phe Val Gln	
	230 235 240	
30	GCG CTC TAC GAG GTG CAG GTC CCA GAG AAC AGC CCA GTA GGC TCC CTA	1542
	Ala Leu Tyr Glu Val Gln Val Pro Glu Asn Ser Pro Val Gly Ser Leu	
	245 250 255 260	
35	GTT GTC AAG GTC TCT GCT AGG GAT TTA GAC ACT GGG ACA AAT GGA GAG	1590
	Val Val Lys Val Ser Ala Arg Asp Leu Asp Thr Gly Thr Asn Gly Glu	
	265 270 275	
40	ATA TCA TAC TCC CTT TAT TAC AGC TCT CAG GAG ATA GAC AAA CCT TTT	1638
	Ile Ser Tyr Ser Leu Tyr Tyr Ser Ser Gln Glu Ile Asp Lys Pro Phe	
	280 285 290	
45	GAG CTA AGC AGC CTT TCA GGA GAA ATT CGA CTA ATT AAA AAA CTA GAT	1686
	Glu Leu Ser Ser Leu Ser Gly Glu Ile Arg Leu Ile Lys Lys Leu Asp	
	295 300 305	
50	TTT GAG ACA ATG TCT TCA TAT GAT CTA GAT ATA GAG GCA TCT GAT GGC	1734
	Phe Glu Thr Met Ser Ser Tyr Asp Leu Asp Ile Glu Ala Ser Asp Gly	
	310 315 320	
55	GGG GGA CTT TCT GGA AAA TGC TCT GTC TCT GTT AAG GTG CTG GAT GTT	1782
	Gly Gly Leu Ser Gly Lys Cys Ser Val Ser Val Lys Val Leu Asp Val	
	325 330 335 340	
60	AAC GAT AAC TTC CCG GAA CTA AGT ATT TCA TCA CTT ACC AGC CCT ATT	1830
	Asn Asp Asn Phe Pro Glu Leu Ser Ile Ser Ser Leu Thr Ser Pro Ile	
	345 350 355	
65	CCC GAG AAT TCT CCA GAG ACA GAA GTG GCC CTG TTT AGG ATT AGA GAC	1878
	Pro Glu Asn Ser Pro Glu Thr Glu Val Ala Leu Phe Arg Ile Arg Asp	
	360 365 370	
70	CGA GAC TCT GGA GAA AAT GGA AAA ATG ATT TGC TCA ATT CAG GAT GAT	1926

	Arg Asp Ser Gly Glu Asn Gly Lys Met Ile Cys Ser Ile Gln Asp Asp	
	375 380 385	
5	GTT CCT TTT AAG CTA AAA CCT TCT GTT GAG AAT TTC TAC AGG CTG GTA	1974
	Val Pro Phe Lys Leu Lys Pro Ser Val Glu Asn Phe Tyr Arg Leu Val	
	390 395 400	
10	ACA GAA GGG GCG CTG GAC AGA GAG ACC AGA GCC GAG TAC AAC ATC ACC	2022
	Thr Glu Gly Ala Leu Asp Arg Glu Thr Arg Ala Glu Tyr Asn Ile Thr	
	405 410 415 420	
15	ATC ACC ATC ACA GAC TTG GGG ACT CCA AGG CTG AAA ACC GAG CAG AGC	2070
	Ile Thr Ile Thr Asp Leu Gly Thr Pro Arg Leu Lys Thr Glu Gln Ser	
	425 430 435	
	ATA ACC GTG CTG GTG TCG GAC GTC AAT GAC AAC GCC CCC GCC TTC ACC	2118
	Ile Thr Val Leu Val Ser Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro Ala Phe Thr	
	440 445 450	
20	CAA ACC TCC TAC ACC CTG TTC GTC CGC GAG AAC AAC AGC CCC GCC CTG	2166
	Gln Thr Ser Tyr Thr Leu Phe Val Arg Glu Asn Asn Ser Pro Ala Leu	
	455 460 465	
25	CAC ATC GGC AGT GTC AGC GCC ACA GAC AGA GAC TCG GGC ACC AAC GCC	2214
	His Ile Gly Ser Val Ser Ala Thr Asp Arg Asp Ser Gly Thr Asn Ala	
	470 475 480	

	CAG GTC ACC TAC TCG CTG CTG CCG CCC CAG GAC CCG CAC CTG CCC CTA	2262
	Gln Val Thr Tyr Ser Leu Leu Pro Pro Gln Asp Pro His Leu Pro Leu	
	485 490 495 500	
5	ACC TCC CTG GTC TCC ATT AAC ACG GAC AAC GGC CAC CTG TTC GCT CTC	2310
	Thr Ser Leu Val Ser Ile Asn Thr Asp Asn Gly His Leu Phe Ala Leu	
	505 510 515	
10	CAG TCG CTG GAC TAC GAG GCC CTG CAG GCT TTC GAG TTC CCG GTG GGC	2358
	Gln Ser Leu Asp Tyr Glu Ala Leu Gln Ala Phe Glu Phe Arg Val Gly	
	520 525 530	
15	GCC ACA GAC CCG GGC TTC CCG GCG CTG AGC AGC GAG GCG CTG GTG CGA	2406
	Ala Thr Asp Arg Gly Phe Pro Ala Leu Ser Ser Glu Ala Leu Val Arg	
	535 540 545	
20	GTG CTG GTG CTG GAC GCC AAC GAC AAC TCG CCC TTC GTG CTG TAC CCG	2454
	Val Leu Val Leu Asp Ala Asn Asp Asn Ser Pro Phe Val Leu Tyr Pro	
	550 555 560	
	CTG CAG AAC GGC TCC GCG CCC TGC ACC GAG CTG GTG CCC CCG GCG GCC	2502
	Leu Gln Asn Gly Ser Ala Pro Cys Thr Glu Leu Val Pro Arg Ala Ala	
	565 570 575 580	
25	GAG CCG GGC TAC CTG GTG ACC AAG GTG GTG GCG GTG GAC GGC GAC TCG	2550
	Glu Pro Gly Tyr Leu Val Thr Lys Val Val Ala Val Asp Gly Asp Ser	
	585 590 595	
30	GGC CAG AAC GCC TGG CTG TCG TAC CAG CTG CTC AAG GCC ACG GAG CCC	2598
	Gly Gln Asn Ala Trp Leu Ser Tyr Gln Leu Leu Lys Ala Thr Glu Pro	
	600 605 610	
35	GGG CTG TTC GGC GTG TGG GCG CAC AAT GGC GAG GTG CCG ACC GCC AGG	2646
	Gly Leu Phe Gly Val Trp Ala His Asn Gly Glu Val Arg Thr Ala Arg	
	615 620 625	
40	CTG CTG AGC GAG CCG GAC GTG GCC AAG CAC AGG CTA GTG GTG CTG GTC	2694
	Leu Leu Ser Glu Arg Asp Val Ala Lys His Arg Leu Val Val Leu Val	
	630 635 640	
	AAG GAC AAT GGC GAG CCT CCG CCG TCG GCC ACA GCC ACG CTG CAA GTG	2742
	Lys Asp Asn Gly Glu Pro Pro Arg Ser Ala Thr Ala Thr Leu Gln Val	
	645 650 655 660	
45	CTC CTG GTG GAC GGC TTC TCT CAG CCC TAC CTG CCG CTC CCA GAG GCG	2790
	Leu Leu Val Asp Gly Phe Ser Gln Pro Tyr Leu Pro Leu Pro Glu Ala	
	665 670 675	
50	GCC CCG GCC CAA GCC CAG GCC GAC TCG CTT ACC GTC TAC CTG GTG GTG	2838
	Ala Pro Ala Gln Ala Gln Ala Asp Ser Leu Thr Val Tyr Leu Val Val	
	680 685 690	
55	GCA TTG GCC TCG GTG TCT TCG CTC TTC CTC TTC TCG GTG TTC CTG TTC	2886
	Ala Leu Ala Ser Val Ser Ser Leu Phe Leu Phe Ser Val Phe Leu Phe	
	695 700 705	
	GTG GCA GTG CCG CTG TGC AGG AGG AGC AGG GCG GCC TCA GTG GGT CGC	2934

Val Ala Val Arg Leu Cys Arg Arg Ser Arg Ala Ala Ser Val Gly Arg
710 715 720

5 TGC TCG GTG CCC GAG GGC CCC TTT CCA GGG CAT CTG GTG GAC GTG AGC 2982
Cys Ser Val Pro Glu Gly Pro Phe Pro Gly His Leu Val Asp Val Ser
725 730 735 740

10 GGC ACC GGG ACC CTT TCC CAG AGC TAC CAG TAC GAG GTG TGT CTG ACG 3030
Gly Thr Gly Thr Leu Ser Gln Ser Tyr Gln Tyr Glu Val Cys Leu Thr
745 750 755

15 GGA GGC TCT GAA AGT AAT GAT TTC AAG TTC TTG AAG CCT ATA TTC CCA 3078
Gly Gly Ser Glu Ser Asn Asp Phe Lys Phe Leu Lys Pro Ile Phe Pro
760 765 770

AAT ATT GTA AGC CAG GAC TCT AGG AGG AAA TCA GAA TTT CTA GAA 3123
Asn Ile Val Ser Gln Asp Ser Arg Arg Lys Ser Glu Phe Leu Glu
775 780 785

20 TAATGTAGGT ATCTGTAGCT TTCCGACCGT CTGTTAATTT TGTCTTCTCT ACTTTTCACC 3183

TTAGTTTTTT TTAACCCCTT AGTAATCTTG AATTCTACTT TTTTAAAT TTCTACTGTT 3243

25 GTCTTAGTA ATGTTACTCA TTTCCTTGT CTGATTGTIA GTTTCAAAT TATTGTATTA 3303

TTATAAATAT TTTATATCAG GAAAGTTCAT ATTCTGAAT AAATTAATAG 3353

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 110:

30 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
(A) LENGDE: 787 aminosyrer
(B) TYPE: aminosyre
(D) TOPOLOGI: linear

35 (iii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 110:

40 Met Glu Pro Ala Gly Glu Arg Phe Pro Glu Gln Arg Gln Val Leu Ile
1 5 10 15

Leu Leu Leu Leu Leu Glu Val Thr Leu Ala Gly Trp Glu Pro Arg Arg
20 25 30

45 Tyr Ser Val Met Glu Glu Thr Glu Arg Gly Ser Phe Val Ala Asn Leu
35 40 45

Ala Asn Asp Leu Gly Leu Gly Val Gly Glu Leu Ala Glu Arg Gly Ala
50 55 60

Arg Val Val Ser Glu Asp Asn Glu Gln Gly Leu Gln Leu Asp Leu Gln
65 70 75 80

55 Thr Gly Gln Leu Ile Leu Asn Glu Lys Leu Asp Arg Glu Lys Leu Cys
85 90 95

Gly Pro Thr Glu Pro Cys Ile Met His Phe Gln Val Leu Leu Lys Lys
 100 105 110

5 Pro Leu Glu Val Phe Arg Ala Glu Leu Leu Val Thr Asp Ile Asn Asp
 115 120 125

His Ser Pro Glu Phe Pro Glu Arg Glu Met Thr Leu Lys Ile Pro Glu
 130 135 140

10 Thr Ser Ser Leu Gly Thr Val Phe Pro Leu Lys Lys Ala Arg Asp Leu
 145 150 155 160

Asp Val Gly Ser Asn Asn Val Gln Asn Tyr Asn Ile Ser Pro Asn Ser
 165 170 175

15 His Phe His Val Ser Thr Arg Thr Arg Gly Asp Gly Arg Lys Tyr Pro
 180 185 190

20 Glu Leu Val Leu Asp Thr Glu Leu Asp Arg Glu Glu Gln Ala Glu Leu
 195 200 205

Arg Leu Thr Leu Thr Ala Val Asp Gly Gly Ser Pro Pro Arg Ser Gly
 210 215 220

25 Thr Val Gln Ile Leu Ile Leu Val Leu Asp Ala Asn Asp Asn Ala Pro
 225 230 235 240

Glu Phe Val Gln Ala Leu Tyr Glu Val Gln Val Pro Glu Asn Ser Pro
 245 250 255

30 Val Gly Ser Leu Val Val Lys Val Ser Ala Arg Asp Leu Asp Thr Gly
 260 265 270

35 Thr Asn Gly Glu Ile Ser Tyr Ser Leu Tyr Tyr Ser Ser Gln Glu Ile
 275 280 285

Asp Lys Pro Phe Glu Leu Ser Ser Leu Ser Gly Glu Ile Arg Leu Ile
 290 295 300

40 Lys Lys Leu Asp Phe Glu Thr Met Ser Ser Tyr Asp Leu Asp Ile Glu
 305 310 315 320

Ala Ser Asp Gly Gly Gly Leu Ser Gly Lys Cys Ser Val Ser Val Lys
 325 330 335

45 Val Leu Asp Val Asn Asp Asn Phe Pro Glu Leu Ser Ile Ser Ser Leu
 340 345 350

Thr Ser Pro Ile Pro Glu Asn Ser Pro Glu Thr Glu Val Ala Leu Phe
 355 360 365

50 Arg Ile Arg Asp Arg Asp Ser Gly Glu Asn Gly Lys Met Ile Cys Ser
 370 375 380

55 Ile Gln Asp Asp Val Pro Phe Lys Leu Lys Pro Ser Val Glu Asn Phe
 385 390 395 400

Tyr Arg Leu Val Thr Glu Gly Ala Leu Asp Arg Glu Thr Arg Ala Glu
 405 410 415

5 Tyr Asn Ile Thr Ile Thr Ile Thr Asp Leu Gly Thr Pro Arg Leu Lys
 420 425 430

Thr Glu Gln Ser Ile Thr Val Leu Val Ser Asp Val Asn Asp Asn Ala
 435 440 445

10 Pro Ala Phe Thr Gln Thr Ser Tyr Thr Leu Phe Val Arg Glu Asn Asn
 450 455 460

Ser Pro Ala Leu His Ile Gly Ser Val Ser Ala Thr Asp Arg Asp Ser
 465 470 475 480

15 Gly Thr Asn Ala Gln Val Thr Tyr Ser Leu Leu Pro Pro Gln Asp Pro
 485 490 495

20 His Leu Pro Leu Thr Ser Leu Val Ser Ile Asn Thr Asp Asn Gly His
 500 505 510

Leu Phe Ala Leu Gln Ser Leu Asp Tyr Glu Ala Leu Gln Ala Phe Glu
 515 520 525

25 Phe Arg Val Gly Ala Thr Asp Arg Gly Phe Pro Ala Leu Ser Ser Glu
 530 535 540

Ala Leu Val Arg Val Leu Val Leu Asp Ala Asn Asp Asn Ser Pro Phe
 545 550 555 560

30 Val Leu Tyr Pro Leu Gln Asn Gly Ser Ala Pro Cys Thr Glu Leu Val
 565 570 575

35 Pro Arg Ala Ala Glu Pro Gly Tyr Leu Val Thr Lys Val Val Ala Val
 580 585 590

Asp Gly Asp Ser Gly Gln Asn Ala Trp Leu Ser Tyr Gln Leu Leu Lys
 595 600 605

40 Ala Thr Glu Pro Gly Leu Phe Gly Val Trp Ala His Asn Gly Glu Val
 610 615 620

Arg Thr Ala Arg Leu Leu Ser Glu Arg Asp Val Ala Lys His Arg Leu
 625 630 635 640

45 Val Val Leu Val Lys Asp Asn Gly Glu Pro Pro Arg Ser Ala Thr Ala
 645 650 655

50 Thr Leu Gln Val Leu Leu Val Asp Gly Phe Ser Gln Pro Tyr Leu Pro
 660 665 670

Leu Pro Glu Ala Ala Pro Ala Gln Ala Gln Ala Asp Ser Leu Thr Val
 675 680 685

55 Tyr Leu Val Val Ala Leu Ala Ser Val Ser Ser Leu Phe Leu Phe Ser
 690 695 700

Val Phe Leu Phe Val Ala Val Arg Leu Cys Arg Arg Ser Arg Ala Ala
705 710 715 720

5 Ser Val Gly Arg Cys Ser Val Pro Glu Gly Pro Phe Pro Gly His Leu
725 730 735

Val Asp Val Ser Gly Thr Gly Thr Leu Ser Gln Ser Tyr Gln Tyr Glu
740 745 750

10 Val Cys Leu Thr Gly Gly Ser Glu Ser Asn Asp Phe Lys Phe Leu Lys
755 760 765

Pro Ile Phe Pro Asn Ile Val Ser Gln Asp Ser Arg Arg Lys Ser Glu
15 770 775 780

Phe Leu Glu
785

20 (1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 111:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 3033 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

25 (C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYPE: cDNA

30 (ix) KARAKTERISTISK TREKK:

(A) NAVN/NØKKEL: CDS

(B) LOKALISERING: 138..2528

35 (xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 111:

GTGATTGGAC GTGTTTTTGT GACTATTGG GAAGAAGACA CCTTCCTAAT CAGATTTACT 60

40 CCAATATCTT CCGGACCCT CATGAGTGA TTGCAATTGA CTTGAAGAAG CAGCACCTC 120

AGGACTGAAT CTGAACA ATG GAG ACA GCA CTA GCA AAA ATA CCA CAG CAA 170

Met Glu Thr Ala Leu Ala Lys Ile Pro Gln Gln
1 5 10

45 AGG CAA GTC TTT TTT CTT ACT ATA TTG TCG TTA TTG TGG AAG TCT AGC 218

Arg Gln Val Phe Phe Leu Thr Ile Leu Ser Leu Leu Trp Lys Ser Ser
15 20 25

50 TCT GAG GCC ATT AGA TAT TCC ATG CCA GAA GAA ACA GAG AGT GGC TAT 266

Ser Glu Ala Ile Arg Tyr Ser Met Pro Glu Glu Thr Glu Ser Gly Tyr
30 35 40

ATG GTG GCT AAC CTG GCG AAA GAT CTG GGG ATC AGG GTT GGA GAA CTG 314

55 Met Val Ala Asn Leu Ala Lys Asp Leu Gly Ile Arg Val Gly Glu Leu
45 50 55

	TCC TCT AGA GGA GCT CAA ATC CAT TAC AAA GGA AAC AAA GAA CTT TTG	362
	Ser Ser Arg Gly Ala Gln Ile His Tyr Lys Gly Asn Lys Glu Leu Leu	
	60 65 70 75	
5	CAG CTG GAT GCA GAG ACT GGG AAT TTG TTC TTA AAG GAA AAA CTA GAC	410
	Gln Leu Asp Ala Glu Thr Gly Asn Leu Phe Leu Lys Glu Lys Leu Asp	
	80 85 90	
10	AGA GAA CTG CTG TGT GGA GAG ACA GAA CCC TGT GTG CTG AAC TTC CAG	458
	Arg Glu Leu Leu Cys Gly Glu Thr Glu Pro Cys Val Leu Asn Phe Gln	
	95 100 105	
15	ATC ATA CTG GAA AAC CCT ATG CAG TTC TTC CAA ACT GAA CTG CAG CTC	506
	Ile Ile Leu Glu Asn Pro Met Gln Phe Phe Gln Thr Glu Leu Gln Leu	
	110 115 120	
20	ACA GAT ATA AAC GAC CAT TCT CCA GAG TTC CCC AAC AAG AAA ATG CTT	554
	Thr Asp Ile Asn Asp His Ser Pro Glu Phe Pro Asn Lys Lys Met Leu	
	125 130 135	
25	CTA ACA ATT CCT GAG AGT GCC CAT CCA GGG ACT GTG TTT CCT CTG AAG	602
	Leu Thr Ile Pro Glu Ser Ala His Pro Gly Thr Val Phe Pro Leu Lys	
	140 145 150 155	
30	GCA GCT CGG GAC TCT GAC ATA GGG AGC AAC GCT GTT CAG AAC TAC ACA	650
	Ala Ala Arg Asp Ser Asp Ile Gly Ser Asn Ala Val Gln Asn Tyr Thr	
	160 165 170	
35	GTC AAF CCC AAC CTC CAT TTC CAC GTC GTT ACT CAC AGT CGC ACA GAT	698
	Val Asn Pro Asn Leu His Phe His Val Val Thr His Ser Arg Thr Asp	
	175 180 185	
40	GGC AGG AAA TAC CCA GAG CTG GTG CTG GAC AGA GCC CTG GAT AGG GAG	746
	Gly Arg Lys Tyr Pro Glu Leu Val Leu Asp Arg Ala Leu Asp Arg Glu	
	190 195 200	
45	GAG CAG CCT GAG CTC ACT TTA ATC CTC ACT GCT CTG GAT GGT GGA GCT	794
	Glu Gln Pro Glu Leu Thr Leu Ile Leu Thr Ala Leu Asp Gly Gly Ala	
	205 210 215	
50	CCT TCC AGG TCA GGA ACC ACC ACA GTT CAC ATA GAA GTT GTG GAC ATC	842
	Pro Ser Arg Ser Gly Thr Thr Thr Val His Ile Glu Val Val Asp Ile	
	220 225 230 235	
55	AAT GAT AAC TCC CCC CAG TTT GTA CAG TCA CTC TAT AAG GTG CAA GTT	890
	Asn Asp Asn Ser Pro Gln Phe Val Gln Ser Leu Tyr Lys Val Gln Val	
	240 245 250	
60	CCT GAG AAT AAT CCC CTC AAT GCC TTT GTT GTC ACG GTC TCT GCC ACG	938
	Pro Glu Asn Asn Pro Leu Asn Ala Phe Val Val Thr Val Ser Ala Thr	
	255 260 265	
65	GAT TTA GAT GCT GGG GTA TAT GGC AAT GTG ACC TAT TCT CTG TTT CAA	986
	Asp Leu Asp Ala Gly Val Tyr Gly Asn Val Thr Tyr Ser Leu Phe Gln	
	270 275 280	

	GGG TAT GGG GTA TTT CAA CCA TTT GTA ATA GAC GAA ATC ACT GGA GAA Gly Tyr Gly Val Phe Gln Pro Phe Val Ile Asp Glu Ile Thr Gly Glu 285 290 295	1034
5	ATC CAT CTG AGC AAA GAG CTG GAT TTT GAG GAA ATT AGC AAT CAT AAC Ile His Leu Ser Lys Glu Leu Asp Phe Glu Glu Ile Ser Asn His Asn 300 305 310 315	1082
10	ATA GAA ATC GCA GCC ACA GAT GGA GGA GGC CTT TCA GGA AAA TGC ACT Ile Glu Ile Ala Ala Thr Asp Gly Gly Gly Leu Ser Gly Lys Cys Thr 320 325 330	1130
15	GTG GCT GTA CAG GTG TTG GAT GTG AAT GAC AAC GCC CCA GAG TTG ACA Val Ala Val Gln Val Leu Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro Glu Leu Thr 335 340 345	1178
20	ATT AGG AAG CTC ACA GTC CTG GTC CCA GAA AAT TCC GCA GAG ACT GTA Ile Arg Lys Leu Thr Val Leu Val Pro Glu Asn Ser Ala Glu Thr Val 350 355 360	1226
25	GTT GCT GTT TTT AGT GTT TCT GAT TCT GAT TCG GGG GAC AAT GGA AGG Val Ala Val Phe Ser Val Ser Asp Ser Asp Ser Gly Asp Asn Gly Arg 365 370 375	1274
30	ATG GTG TGT TCT ATT CCG AAC AAT ATC CCA TTT CTC CTG AAA CCC ACA Met Val Cys Ser Ile Pro Asn Asn Ile Pro Phe Leu Leu Lys Pro Thr 380 385 390 395	1322
35	TTT GAG AAT TAT TAC ACG TTA GTG ACT GAG GGG CCA CTT GAT AGA GAG Phe Glu Asn Tyr Tyr Thr Leu Val Thr Glu Gly Pro Leu Asp Arg Glu 400 405 410	1370
40	AAC AGA GCT GAG TAC AAC ATC ACC ATC ACG GTC TCA GAT CTG GGC ACA Asn Arg Ala Glu Tyr Asn Ile Thr Ile Thr Val Ser Asp Leu Gly Thr 415 420 425	1418
45	CCC AGG CTC ACA ACC CAG CAC ACC ATA ACA GTG CAA GTG TCC GAC ATC Pro Arg Leu Thr Thr Gln His Thr Ile Thr Val Gln Val Ser Asp Ile 430 435 440	1466
50	AAC GAC AAC GCC CCT GCC TTC ACC CAA ACC TCC TAC ACC ATG TTT GTC Asn Asp Asn Ala Pro Ala Phe Thr Gln Thr Ser Tyr Thr Met Phe Val 445 450 455	1514
55	CAC GAG AAC AAC AGC CCC GCC CTG CAC ATA GGC ACC ATC AGT GCC ACA His Glu Asn Asn Ser Pro Ala Leu His Ile Gly Thr Ile Ser Ala Thr 460 465 470 475	1562
60	GAC TCA GAC TCA GGC TCC AAT GCC CAC ATC ACC TAC TCG CTG CTG CCG Asp Ser Asp Ser Gly Ser Asn Ala His Ile Thr Tyr Ser Leu Leu Pro 480 485 490	1610
65	CCT GAT GAC CCG CAG CTG GCC CTC GAC TCA CTC ATC TCC ATC AAT GTT Pro Asp Asp Pro Gln Leu Ala Leu Asp Ser Leu Ile Ser Ile Asn Val 495 500 505	1658
70	GAC AAT GGG CAG CTG TTC GCG CTC AGA GCT CTA GAC TAT GAG GCA CTG	1706

	Asp	Asn	Gly	Gln	Leu	Phe	Ala	Leu	Arg	Ala	Leu	Asp	Tyr	Glu	Ala	Leu	
	510							515						520			
5	CAG	TCC	TTC	GAG	TTC	TAC	GTG	GGC	GCT	ACA	GAT	GGA	GGC	TCA	CCC	GCG	1754
	Gln	Ser	Phe	Glu	Phe	Tyr	Val	Gly	Ala	Thr	Asp	Gly	Gly	Ser	Pro	Ala	
	525						530					535					
10	CTC	AGC	AGC	CAG	ACT	CTG	GTG	CGG	ATG	GTG	GTG	CTG	GAT	GAC	AAT	GAC	1802
	Leu	Ser	Ser	Gln	Thr	Leu	Val	Arg	Met	Val	Val	Leu	Asp	Asp	Asn	Asp	
	540					545					550				555		
15	AAT	GCC	CCC	TTC	GTG	CTC	TAC	CCA	CTG	CAG	AAT	GCC	TCA	GCA	CCC	TGT	1850
	Asn	Ala	Pro	Phe	Val	Leu	Tyr	Pro	Leu	Gln	Asn	Ala	Ser	Ala	Pro	Cys	
					560				565					570			
	ACT	GAG	CTA	CTG	CCT	AGG	GCA	GCA	GAG	CCC	GGC	TAC	CTG	ATC	ACC	AAA	1898
	Thr	Glu	Leu	Leu	Pro	Arg	Ala	Ala	Glu	Pro	Gly	Tyr	Leu	Ile	Thr	Lys	
		575						580					585				
20	GTG	GTG	GCT	GTG	GAT	CGC	GAC	TCT	GGA	CAG	AAT	GCT	TGG	CTG	TCG	TTC	1946
	Val	Val	Ala	Val	Asp	Arg	Asp	Ser	Gly	Gln	Asn	Ala	Trp	Leu	Ser	Phe	
		590					595						600				
25	CAG	CTA	CTT	AAA	GCT	ACA	GAG	CCA	GGG	CTG	TTC	AGT	GTA	TGG	GCA	CAC	1994
	Gln	Leu	Leu	Lys	Ala	Thr	Glu	Pro	Gly	Leu	Phe	Ser	Val	Trp	Ala	His	
	605						610						615				

	AAT GGT GAA GTG CGC ACC ACT AGG CTG CTG AGT GAG CGA GAT GCT CAG	2042
	Asn Gly Glu Val Arg Thr Thr Arg Leu Leu Ser Glu Arg Asp Ala Gln	
	620 625 630 635	
5	AAG CAC AAG CTA CTG CTG CTG GTC AAG GAC AAT GGC GAT CCT CTG CGC	2090
	Lys His Lys Leu Leu Leu Leu Val Lys Asp Asn Gly Asp Pro Leu Arg	
	640 645 650	
10	TCT GCC AAT GTC ACT CTT CAC GTG CTA GTG GTG GAT GGC TTC TCG CAG	2138
	Ser Ala Asn Val Thr Leu His Val Leu Val Val Asp Gly Phe Ser Gln	
	655 660 665	
15	CCT TAC CTA CCA TTG GCT GAG GTG GCA CAG GAT TCC ATG CAA GAT AAT	2186
	Pro Tyr Leu Pro Leu Ala Glu Val Ala Gln Asp Ser Met Gln Asp Asn	
	670 675 680	
20	TAC GAC GIT CTC ACA CTG TAC CTA GTC ATT GCC TTG GCA TCT GTA TCT	2234
	Tyr Asp Val Leu Thr Leu Tyr Leu Val Ile Ala Leu Ala Ser Val Ser	
	685 690 695	
	TCT CTC TTC CTC TTG TCT GTA GTG CTG TTT GTG GGG GTG AGG CTG TGC	2282
	Ser Leu Phe Leu Leu Ser Val Val Leu Phe Val Gly Val Arg Leu Cys	
	700 705 710 715	
25	AGG AGG GCC AGG GAG GCC TCC TTG GGT GAC TAC TCT GTG CCT GAG GGA	2330
	Arg Arg Ala Arg Glu Ala Ser Leu Gly Asp Tyr Ser Val Pro Glu Gly	
	720 725 730	
30	CAC TTT CCT AGC CAC TTG GTG GAT GTC AGC GGT GCC GGG ACC CTG TCC	2378
	His Phe Pro Ser His Leu Val Asp Val Ser Gly Ala Gly Thr Leu Ser	
	735 740 745	
35	CAG AGT TAT CAA TAT GAG GTG TGT CTT AAT GGA GGT ACT AGA ACA AAT	2426
	Gln Ser Tyr Gln Tyr Glu Val Cys Leu Asn Gly Gly Thr Arg Thr Asn	
	750 755 760	
40	GAG TTT AAC TTT CTT AAA CCA TTG TTT CCT ATC CTT CCG ACC CAG GCT	2474
	Glu Phe Asn Phe Leu Lys Pro Leu Phe Pro Ile Leu Pro Thr Gln Ala	
	765 770 775	
	GCT GCT GCT GAA GAA AGA GAA AAC GCT GTT GTG CAC AAT AGC GTT GGA	2522
	Ala Ala Ala Glu Glu Arg Glu Asn Ala Val Val His Asn Ser Val Gly	
	780 785 790 795	
45	TTC TAT TAGAGCACTG ATTTTGAAGT GGTGGTTACC TCATTTTCC TTAACATCC	2578
	Phe Tyr	
50	CTGATGTAGA ATGGTGTAGT GCCGTGAATC AACTCCTGAG ATATATGTC ATTTATCCT	2638
	TTGTTTTGAA TCAAACTATT CAGATGTGAT CCTACTCTAG AGAATTGGT TCTACTCCAT	2698
	TGTGTTTGT TAGATTCTA CGCCATACCA GTGCATGCTG GGITGTTTT TTTTITACAA	2758
55	TTATTATAAC TTGCTTTGG AGGGGAATC ATATTCGCTG TAACGAATTG GAACCACTT	2818
	CATTGTTAGA GATGCTTGC TTGTTGTGT TATTCAGAC AGGGTCTTAA ATTGTAGCCC	2878

TGGGTGACCT GAAATGACTA TGTACAGACT GACTTTGAAT TTGTGGCAGT CCATCTGCCT 2938
 CTGTGTCTCT ATGTTGGGAT TGTGAGCATG CATGAGTAGG CTCAGCTGTG GTGAGCGACC 2998
 TTAATAAAAA TCAATACTA AAAAAAAAAA AAAAA 3033

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 112:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 797 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 112:

20 Met Glu Thr Ala Leu Ala Lys Ile Pro Gln Gln Arg Gln Val Phe Phe
 1 5 10 15
 Leu Thr Ile Leu Ser Leu Leu Trp Lys Ser Ser Ser Glu Ala Ile Arg
 20 25 30
 25 Tyr Ser Met Pro Glu Glu Thr Glu Ser Gly Tyr Met Val Ala Asn Leu
 35 40 45
 30 Ala Lys Asp Leu Gly Ile Arg Val Gly Glu Leu Ser Ser Arg Gly Ala
 50 55 60
 Gln Ile His Tyr Lys Gly Asn Lys Glu Leu Leu Gln Leu Asp Ala Glu
 65 70 75 80
 35 Thr Gly Asn Leu Phe Leu Lys Glu Lys Leu Asp Arg Glu Leu Leu Cys
 85 90 95
 40 Gly Glu Thr Glu Pro Cys Val Leu Asn Phe Gln Ile Ile Leu Glu Asn
 100 105 110
 Pro Met Gln Phe Phe Gln Thr Glu Leu Gln Leu Thr Asp Ile Asn Asp
 115 120 125
 45 His Ser Pro Glu Phe Pro Asn Lys Lys Met Leu Leu Thr Ile Pro Glu
 130 135 140
 Ser Ala His Pro Gly Thr Val Phe Pro Leu Lys Ala Ala Arg Asp Ser
 145 150 155 160
 50 Asp Ile Gly Ser Asn Ala Val Gln Asn Tyr Thr Val Asn Pro Asn Leu
 165 170 175
 55 His Phe His Val Val Thr His Ser Arg Thr Asp Gly Arg Lys Tyr Pro
 180 185 190
 Glu Leu Val Leu Asp Arg Ala Leu Asp Arg Glu Glu Gln Pro Glu Leu

	195	200	205
	Thr Leu Ile Leu Thr Ala Leu Asp Gly Gly Ala Pro Ser Arg Ser Gly		
	210	215	220
5	Thr Thr Thr Val His Ile Glu Val Val Asp Ile Asn Asp Asn Ser Pro		
	225	230	235 240
	Gln Phe Val Gln Ser Leu Tyr Lys Val Gln Val Pro Glu Asn Asn Pro		
10		245	250 255
	Leu Asn Ala Phe Val Val Thr Val Ser Ala Thr Asp Leu Asp Ala Gly		
	260	265	270
15	Val Tyr Gly Asn Val Thr Tyr Ser Leu Phe Gln Gly Tyr Gly Val Phe		
	275	280	285
	Gln Pro Phe Val Ile Asp Glu Ile Thr Gly Glu Ile His Leu Ser Lys		
20		290	295 300
	Glu Leu Asp Phe Glu Glu Ile Ser Asn His Asn Ile Glu Ile Ala Ala		
	305	310	315 320
	Thr Asp Gly Gly Gly Leu Ser Gly Lys Cys Thr Val Ala Val Gln Val		
25		325	330 335
	Leu Asp Val Asn Asp Asn Ala Pro Glu Leu Thr Ile Arg Lys Leu Thr		
	340	345	350
30	Val Leu Val Pro Glu Asn Ser Ala Glu Thr Val Val Ala Val Phe Ser		
	355	360	365
	Val Ser Asp Ser Asp Ser Gly Asp Asn Gly Arg Met Val Cys Ser Ile		
35		370	375 380
	Pro Asn Asn Ile Pro Phe Leu Leu Lys Pro Thr Phe Glu Asn Tyr Tyr		
	385	390	395 400
	Thr Leu Val Thr Glu Gly Pro Leu Asp Arg Glu Asn Arg Ala Glu Tyr		
40		405	410 415
	Asn Ile Thr Ile Thr Val Ser Asp Leu Gly Thr Pro Arg Leu Thr Thr		
	420	425	430
45	Gln His Thr Ile Thr Val Gln Val Ser Asp Ile Asn Asp Asn Ala Pro		
	435	440	445
	Ala Phe Thr Gln Thr Ser Tyr Thr Met Phe Val His Glu Asn Asn Ser		
50		450	455 460
	Pro Ala Leu His Ile Gly Thr Ile Ser Ala Thr Asp Ser Asp Ser Gly		
	465	470	475 480
	Ser Asn Ala His Ile Thr Tyr Ser Leu Leu Pro Pro Asp Asp Pro Gln		
55		485	490 495
	Leu Ala Leu Asp Ser Leu Ile Ser Ile Asn Val Asp Asn Gly Gln Leu		

500

505

510

5 Phe Ala Leu Arg Ala Leu Asp Tyr Glu Ala Leu Gln Ser Phe Glu Phe
 515 520 525
 Tyr Val Gly Ala Thr Asp Gly Gly Ser Pro Ala Leu Ser Ser Gln Thr
 530 535 540
 10 Leu Val Arg Met Val Val Leu Asp Asp Asn Asp Asn Ala Pro Phe Val
 545 550 555 560
 Leu Tyr Pro Leu Gln Asn Ala Ser Ala Pro Cys Thr Glu Leu Leu Pro
 565 570 575
 15 Arg Ala Ala Glu Pro Gly Tyr Leu Ile Thr Lys Val Val Ala Val Asp
 580 585 590
 Arg Asp Ser Gly Gln Asn Ala Trp Leu Ser Phe Gln Leu Leu Lys Ala
 595 600 605
 Thr Glu Pro Gly Leu Phe Ser Val Trp Ala His Asn Gly Glu Val Arg
 610 615 620
 25 Thr Thr Arg Leu Leu Ser Glu Arg Asp Ala Gln Lys His Lys Leu Leu
 625 630 635 640
 Leu Leu Val Lys Asp Asn Gly Asp Pro Leu Arg Ser Ala Asn Val Thr
 645 650 655
 30 Leu His Val Leu Val Val Asp Gly Phe Ser Gln Pro Tyr Leu Pro Leu
 660 665 670
 Ala Glu Val Ala Gln Asp Ser Met Gln Asp Asn Tyr Asp Val Leu Thr
 675 680 685
 Leu Tyr Leu Val Ile Ala Leu Ala Ser Val Ser Ser Leu Phe Leu Leu
 690 695 700
 40 Ser Val Val Leu Phe Val Gly Val Arg Leu Cys Arg Arg Ala Arg Glu
 705 710 715 720
 Ala Ser Leu Gly Asp Tyr Ser Val Pro Glu Gly His Phe Pro Ser His
 725 730 735
 45 Leu Val Asp Val Ser Gly Ala Gly Thr Leu Ser Gln Ser Tyr Gln Tyr
 740 745 750
 Glu Val Cys Leu Asn Gly Gly Thr Arg Thr Asn Glu Phe Asn Phe Leu
 755 760 765
 Lys Pro Leu Phe Pro Ile Leu Pro Thr Gln Ala Ala Ala Ala Glu Glu
 770 775 780
 55 Arg Glu Asn Ala Val Val His Asn Ser Val Gly Phe Tyr
 785 790 795

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 113:

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 2347 basepar

(B) TYPE: nukleinsyre

(C) TRÅDETHET: enkel

(D) TOPOLOGI: lineær

(ii) MOLEKYLTTYPE: cDNA

(xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 113:

15	AAAACACGGG GGAAATGACA GTAGCAAAGA ATCTGGACTA TGAAGAATGC TCATTGTATG	60
	AAATGGAAAT ACAGGCTGAA GATGTGGGGG CGCTTCTGGG GAGGAGCAAA GTGGTAATTA	120
	TGGTAGAAGA TGTAATGAC AATCGGCCAG AAGTGACCAT TACATCCTTG TTAAACCGG	180
20	TATTGGAAAA TTCTCTTCCC GGGACAGTAA TTGCCTTCTT GAATGTGCAT GACCGAGACT	240
	CTGGAAAGAA CGGCCAAGTT GTCTGTTACA CGCATGATAA CTFACCTTTT AAATTAGAAA	300
25	AGTCAATAGA TAATTATTAT AGATTGGTGA CATGGAAATA TTTGGACCGA GAAAAAGTCT	360
	CCATCTACAA TATCAGAGTG ATAGCCTCAG ATCTAGGAGC CCACTCTGTC ACTGAAACTT	420
	ACATTGCCCT GATTGTGGCA GACACTAATG ACAACCTCC TCGTTTCTCT CACACCTCCT	480
30	ACACAGCCTA TATTCCAGAG AACAACTGA GGGGCGCCTC CATCTTCTCA CTGACTGCAC	540
	ATGATCCTGA CAGTCAGGAA AATGCACAGG TCACCTACTC TGTGTCTGAG GACACCATAC	600
35	AGGGAGTGCC TTTGTCTCTT TATATCTCCA TCAACTCAGA TACTGGTGTC CTGTATGCAC	660
	TGCACTCTTT TGACTTCGAG AAGATACAAG ACTTGCAGCT ACTGGTTGTT GCCACTGACA	720
	GTGGAAGCCC ACCTCTCAGC AGCAATGTGT CATTGAGCTT GTTGTGTGTG GACCAGAACG	780
40	ACAAAGCACC TGAGATTCTA TATCCTAGCT TCCCCACAGA TGGCTCCACT GGTGTGGAAC	840
	TAGCACCCCG CTCTGCAGAG CCTGGATACC TAGTGACCAA AGTGGTGGCA GTGGACAAAG	900
45	ACTCAGGACA GAATGCTTGG CTGTCTTACC GTCTGCTGAA GGCCAGCGAA CCTGGGCTCT	960
	TCTCTGTAGG ACTTCACAG GGTGAGGTGC GTACAGCGAG GGCCCTGCTG GACAGAGATG	1020
	CTCTCAAACA GAATCTGGTG ATGGCGGTGC AGGACCATGG CCAACCCCTT CTCTCGGCCA	1080
50	CTGTAACTCT CACTGTGGCA GTGGCTAACA GCATCCCTGA GGTGTGGCT GACTTGAGCA	1140
	GCATTAGGAC CCCTGGGGTA CCAGAGGATT CTGATATCAC GCTCCACCTG GTGGTGGCAG	1200
55	TGGCTGTGGT CTCTGTGTC TTCTTGTCT TTGTCAATGT CCTCCTAGCT CTCAGGCTTC	1260
	AGCGCTGGCA GAAGTCTGCG CAGCTCCAGG GCTCCAAAGG TGGATTGGCT CCTGCACCTC	1320

CATCACATTT TGTGGGCATC GACGGGGTAC AGGCTTTTCT ACAAACCTAT TCTCATGAAG 1380
 TCTGGCTCAC TTCAGGCTCC CAGACAAGCC ACATTATCTT TCCTCAGCCC AACTATGCAG 1440
 5 ACATGCTCAT TAACCAAGAA GGCTGTGAGA AAAATGATTG CTTATTAACA TCCATAGATT 1500
 TTCATGAGAG TAACCGTGAA GATGCTTGCG CCCCQCAAGC CCGCCCCAAC ACTGACTGGC 1560
 10 GTTCTCTCA AGCCCAGAGA CCGGGCACGA GCGGATCCCA AAATGGGGAT GAAACCGGCA 1620
 CCTGGCCCAA CAACCAAGTC GATACAGAGA TGCTGCAAGC CATGATCTTG GCTCTGCCA 1680
 GTGAAGCCGC TGATGGGAGC TCCACTCTGG GAGGGGGCAC TGGCACTATG GGTTCGAGCG 1740
 15 CTCGATATGG ACCCCAGTTT ACCCTGCAGC ACGTGCTGSA CTACCGCCAG AACGTGTACA 1800
 TCCCTGGCAG CAATGCCACA CTGACCAACG CAGCTGGCAA ACGAGATGGC AAGGCTCCGG 1860
 20 CAGGGGGCAA TGGCAACAAC AACAAGTGGG GCAAGAAAGA GAAGAAGTAA TATGGAGGCC 1920
 AGGCCTTGAG CCACAGGGCA GCCTCCCTCC CCAGCCAGTC CAGCTTGTC TTAATTGTAC 1980
 CCAGGCTTCA GAATTTGAGG GCTCAGCCCA GGATTCTGGT AGGAGCCACA GCCAGGCCAT 2040
 25 GCTCCCCGTT GGGAAACAGA AACAAGTGCC CAAGCCAACA CCCCCTCTTT GTACCCTAGG 2100
 GGGGTTGAAT ATGCAAAGAG AGTTCTGCTG GGACCCCTTA TCCAATCAGT GATTGTACCC 2160
 30 ACATAGGTAG CAGGGTTAGT GTGGATACAC ACACACACAC ACACACACAC ACACACACAA 2220
 CCCTTGTCCT CCGCAGTGCC TGCCACTTTC TGGGACTTTC TCATCCCCCT ACGCCCTTCC 2280
 TTTATCTCTT CCCACCCAGA CACAGCTGCT GGAGAATAAA TTTGGGGATG CTGATGCTAA 2340
 35 AAAAAAA 2347

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 114:

40 (i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:
 (A) LENGDE: 2972 basepar
 (B) TYPE: nukleinsyre
 (C) TRÅDETHET: enkel
 (D) TOPOLOGI: linear

45 (ii) MOLEKYLTYP: cDNA

50 (ix) KARAKTERISTISK TREKK:
 (A) NAVN/NØKKEL: CDS
 (B) LOKALISERING: 2..1849

55 (xi) SEKVENSBEKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 114:

	A GAG GCT GCT CAC CAC CTG GTC CTC ACG GCC TCG GAT GGC GGC AAG	46
	Glu Ala Ala His His Leu Val Leu Thr Ala Ser Asp Gly Gly Lys	
	1 5 10 15	
5	CCG CCT CGC TCT AGC ACA GTG CGC ATC CAC GTG ACA GTG TTG GAT ACA	94
	Pro Pro Arg Ser Ser Thr Val Arg Ile His Val Thr Val Leu Asp Thr	
	20 25 30	
10	AAT GAC AAT GCC CCG GTT TTT CCT CAC CCG ATT TAC CGA GTG AAA GTC	142
	Asn Asp Asn Ala Pro Val Phe Pro His Pro Ile Tyr Arg Val Lys Val	
	35 40 45	
15	CTT GAG AAC ATG CCC CCA GGC ACG CGG CTG CTT ACT GTA ACA GCC AGC	190
	Leu Glu Asn Met Pro Pro Gly Thr Arg Leu Leu Thr Val Thr Ala Ser	
	50 55 60	
20	GAC CCG GAT GAG GGA ATC AAC GGA AAA GTG GCA TAC AAA TTC CGG AAA	238
	Asp Pro Asp Glu Gly Ile Asn Gly Lys Val Ala Tyr Lys Phe Arg Lys	
	65 70 75	
25	ATT AAT GAA AAA CAA ACT CCG TTA TTC CAG CTT AAT GAA AAT ACT GGG	286
	Ile Asn Glu Lys Gln Thr Pro Leu Phe Gln Leu Asn Glu Asn Thr Gly	
	80 85 90 95	
30	GAA ATA TCA ATA GCA AAA AGT CTA GAT TAT GAA GAA TGT TCA TTT TAT	334
	Glu Ile Ser Ile Ala Lys Ser Leu Asp Tyr Glu Glu Cys Ser Phe Tyr	
	100 105 110	
35	GAA ATG GAA ATA CAA GCC GAA GAT GTG GCG GCA CTT CTG GGG AGG ACC	382
	Glu Met Glu Ile Gln Ala Glu Asp Val Gly Ala Leu Leu Gly Arg Thr	
	115 120 125	
40	AAA TTG CTC ATT TCT GTG GAA GAT GTA AAT GAC AAT AGA CCA GAA GTG	430
	Lys Leu Leu Ile Ser Val Glu Asp Val Asn Asp Asn Arg Pro Glu Val	
	130 135 140	
45	ATC ATT ACG TCT TTG TTT AGC CCA GTG TTA GAA AAT TCT CTT CCC GGG	478
	Ile Ile Thr Ser Leu Phe Ser Pro Val Leu Glu Asn Ser Leu Pro Gly	
	145 150 155	
50	ACA GTA ATT GCC TTC TTG AGT GTG CAT GAC CAA GAC TCT GGA AAG AAT	526
	Thr Val Ile Ala Phe Leu Ser Val His Asp Gln Asp Ser Gly Lys Asn	
	160 165 170 175	
55	GGT CAA GTT GTC TGT TAC ACA CGT GAT AAT TTA CCT TTT AAA TTA GAA	574
	Gly Gln Val Val Cys Tyr Thr Arg Asp Asn Leu Pro Phe Lys Leu Glu	
	180 185 190	
60	AAG TCA ATA GGT AAT TAT TAT AGA TTA GTG ACA AGS AAA TAT TTG GAC	622
	Lys Ser Ile Gly Asn Tyr Tyr Arg Leu Val Thr Arg Lys Tyr Leu Asp	
	195 200 205	
65	CGA GAA AAT GTC TCT ATC TAC AAT ATC ACA GTG ATG GCC TCA GAT CTA	670
	Arg Glu Asn Val Ser Ile Tyr Asn Ile Thr Val Met Ala Ser Asp Leu	
	210 215 220	
70	GGA ACA CCA CCT CTG TCC ACT GAA ACT CAA ATC GCT CTG CAC GTG GCA	718

	Gly Thr Pro Pro Leu Ser Thr Glu Thr Gln Ile Ala Leu His Val Ala	
	225 230 235	
5	GAC ATT AAC GAC AAC CCT CCT ACT TTC CCT CAT GGC TCC TAC TCA GCG Asp Ile Asn Asp Asn Pro Pro Thr Phe Pro His Ala Ser Tyr Ser Ala	766
	240 245 250 255	
10	TAT ATC CTA GAG AAC AAC CTG AGA GGA GCC TCC ATC TTT TCC TTG ACT Tyr Ile Leu Glu Asn Asn Leu Arg Gly Ala Ser Ile Phe Ser Leu Thr	814
	260 265 270	
15	GCA CAC GAC CCC GAC AGC CAG GAG AAT GCC CAG GTC ACT TAC TCT GTG Ala His Asp Pro Asp Ser Gln Glu Asn Ala Gln Val Thr Tyr Ser Val	862
	275 280 285	
20	ACC GAG GAC ACG CTG CAG GGG GCG CCC CTG TCC TCG TAT ATC TCC ATC Thr Glu Asp Thr Leu Gln Gly Ala Pro Leu Ser Ser Tyr Ile Ser Ile	910
	290 295 300	
25	AAC TCT GAC ACC GGT GTC CTG TAT GCG CTG CAA TCT TTC GAC TAT GAG Asn Ser Asp Thr Gly Val Leu Tyr Ala Leu Gln Ser Phe Asp Tyr Glu	958
	305 310 315	
30	CAG ATC CGA GAC CTG CAG CTA CTG GTA ACA GCC AGC GAC AGC GGG GAC Gln Ile Arg Asp Leu Gln Leu Leu Val Thr Ala Ser Asp Ser Gly Asp	1006
	320 325 330 335	
35	CCG CCC CTC AGC AGC AAC ATG TCA CTG AGC CTG TTC GTG CTG GAC CAG Pro Pro Leu Ser Ser Asn Met Ser Leu Ser Leu Phe Val Leu Asp Gln	1054
	340 345 350	
40	AAT GAC AAC GCG CCC GAG ATC CTG TAC CCC GCC CTC CCC ACA GAC GGT Asn Asp Asn Ala Pro Glu Ile Leu Tyr Pro Ala Leu Pro Thr Asp Gly	1102
	355 360 365	
45	TCC ACT GGC GTG GAG CTG GCG CCC GCG TCC GCA GAG CGT GGC TAC CTG Ser Thr Gly Val Glu Leu Ala Pro Arg Ser Ala Glu Arg Gly Tyr Leu	1150
	370 375 380	
50	GTG ACC AAG GTG GTG GCG GTG GAC AGA GAC TCG GGC CAG AAC GCC TGG Val Thr Lys Val Val Ala Val Asp Arg Asp Ser Gly Gln Asn Ala Trp	1198
	385 390 395	
55	CTG TCC TAC CGC CTG CTC AAG GCC AGC GAG CCG GGA CTC TTC TCG GTG Leu Ser Tyr Arg Leu Leu Lys Ala Ser Glu Pro Gly Leu Phe Ser Val	1246
	400 405 410 415	
60	GGT CTG CAC ACG GGC GAG GTG GCG ACG GCG CGA GCC CTG CTG GAC AGA Gly Leu His Thr Gly Glu Val Arg Thr Ala Arg Ala Leu Leu Asp Arg	1294
	420 425 430	
65	GAC GCG CTC AAG CAG AGC CTC GTG GTG GCC GTC CAG GAC CAT GGC CAG Asp Ala Leu Lys Gln Ser Leu Val Val Ala Val Gln Asp His Gly Gln	1342
	435 440 445	
70	CCC CCT CTC TCC GCC ACT GTC ACG CTC ACC GTA GCC GTG GCT GAC AGC	1390

	Pro Pro Leu Ser Ala Thr Val Thr Leu Thr Val Ala Val Ala Asp Ser	
	450 455 460	
5	ATC CCC GAA GTC CTG ACC GAG TTG GGC AGT CTG AAG CCT TCG GTC GAC Ile Pro Glu Val Leu Thr Glu Leu Gly Ser Leu Lys Pro Ser Val Asp	1438
	465 470 475	
10	CCG AAC GAT TCG AGC CTT ACA CTC TAT CTC GTG GTG GCA GTG GCT GCC Pro Asn Asp Ser Ser Leu Thr Leu Tyr Leu Val Val Ala Val Ala Ala	1486
	480 485 490 495	
15	ATC TCC TGT GTC TTC CTC GCC TTT GTC GCT GTG CTT CTG GGG CTC AGG Ile Ser Cys Val Phe Leu Ala Phe Val Ala Val Leu Leu Gly Leu Arg	1534
	500 505 510	
	CTG AGG CGC TGG CAC AAG TCA CGC CTG CTC CAG GAT TCC GGT GGC AGA Leu Arg Arg Trp His Lys Ser Arg Leu Leu Gln Asp Ser Gly Gly Arg	1582
	515 520 525	
20	TTG GTA GGC GTG CCT GCC TCA CAT TTT GTG GGT GTT GAG GAG GTA CAG Leu Val Gly Val Pro Ala Ser His Phe Val Gly Val Glu Glu Val Gln	1630
	530 535 540	
25	GCT TTC CTG CAG ACC TAT TCC CAG GAA GTC TCC CTC ACC GCC GAC TCG Ala Phe Leu Gln Thr Tyr Ser Gln Glu Val Ser Leu Thr Ala Asp Ser	1678
	545 550 555	
30	CGG AAG AGT CAC CTG ATC TTT CCC CAG CCC AAC TAC GCA GAC ATG CTC Arg Lys Ser His Leu Ile Phe Pro Gln Pro Asn Tyr Ala Asp Met Leu	1726
	560 565 570 575	
35	ATC AGT CAG GAG GGC TGT GAG AAA AAT GAT TCT TTG TTA ACA TCC GTA Ile Ser Gln Glu Gly Cys Glu Lys Asn Asp Ser Leu Leu Thr Ser Val	1774
	580 585 590	
	GAT TTT CAT GAA TAT AAG AAT GAA GCT GAT CAT GGT CAG GTG AGT TTA Asp Phe His Glu Tyr Lys Asn Glu Ala Asp His Gly Gln Val Ser Leu	1822
	595 600 605	
40	GTT CTT TGC TTG CTT TTA ATT TCC AGA TGAATTTAT TTGGCATAAA Val Leu Cys Leu Leu Leu Ile Ser Arg	1869
	610 615	
45	TTATGTTTTG AAAACATTG TGAAGATAGT TGAATAAT TTTAAGGTG TATCAGAG TTTGGGTTT ATTTGGTGTG TGTTACCAA AAATTGAAC CTAAAGTCA TAAGTTATTG	1929
	1989	
	TTTCATTGC TTTTAAACGA CTGGAAAAG ATTGTTCCAC CATTTTAAAC CTCCAGTAT	2049
50	TTTATTCCTA TTATCACTCA TTCACCTAAG AAGTAGCTAC CCGTCCATAC TGGTAATTTT	2109
	GCTATTGTTT GTTTGTGTGT GTGTGTGTGT GTGTGTGTGT GTGTGTGTAT CCCAACTAG	2169
	AACTTCAGAA AATTATCAAG AAGTCTAAAG CTTGTATTAT AGCTTAGCAA AAGTAAAATA	2229
55	TATCTCAGAA TTTTAGGGT TATGTTTAGC ATTTGAACCT GTAAC TAGGC TCTTGATAT	2289

TTCTTCACTT TAAACCTCTT TTCTGAGCCC TGTTCCTGTA CCAGTGCCCT TCAAACTTT 2349
 AATACTTCTT ACCATCCTTC AAAACATGAA CAAACTTTAA AGATGGATCT TGGTGGGAGA 2409
 5 TGAGACTGGT TACTAAATAT TAAGTATGTG AGTCAGTGGT CACCTGGGCT CCATCCCAT 2469
 GGAGACATGA AATCTAAAGC CTAGAATGTC CATTGCTCCC CCAACAAAA AACAAAAGCA 2529
 10 AAAACATTAG ATCTGAATTA AAATGTAATT TTAACTGTT GAAAGTGACT TTGTAAAAAT 2589
 ATGTAAGAAC ATATTTCAT ACAATTCCAA TTAGCTGTTT CGTTGTGCA TTGATGTGAA 2649
 GTGGTGAGAA TGTGTATATT AAGAACCAAT GTTCAGGTA CACAAGTTCT AAATAAGCTG 2709
 15 ATCAATTCAA TTAAAGTTAT TCAGTCTTGG CTGACACAG TGCCTCATGT CTGAAATCCC 2769
 AGCACTTTGG GAGGCTGGGG CAGGAGGACC GCTTGAGCCC CGGGGGTTTG AAAGTGCAGT 2829
 GAGCTATGAT CATGCCACTG CACTCCAGCC TAGGTGGCAG AACTAGACCC TGTCTCTAAA 2889
 20 AAAACTATTA TTAGGCCGCG TCGGTGGCT CACGCTGTA ATCCAGCAC TTGGGAGAC 2949
 TGAGGTGGGT GGATCACCTG AGC 2972

25

(1) INFORMASJON FOR SEKV.-ID NR. 115:

30

(i) SEKVENSKARAKTERISTIKA:

(A) LENGDE: 616 aminosyrer

(B) TYPE: aminosyre

(D) TOPOLOGI: linear

(ii) MOLEKYLTYP: protein

35

(xi) SEKVENSBESKRIVELSE: SEKV.-ID NR. 115:

Glu Ala Ala His His Leu Val Leu Thr Ala Ser Asp Gly Gly Lys Pro
 1 5 10 15

40

Pro Arg Ser Ser Thr Val Arg Ile His Val Thr Val Leu Asp Thr Asn
 20 25 30

Asp Asn Ala Pro Val Phe Pro His Pro Ile Tyr Arg Val Lys Val Leu
 35 40 45

45

Glu Asn Met Pro Pro Gly Thr Arg Leu Leu Thr Val Thr Ala Ser Asp
 50 55 60

50

Pro Asp Glu Gly Ile Asn Gly Lys Val Ala Tyr Lys Phe Arg Lys Ile
 65 70 75 80

Asn Glu Lys Gln Thr Pro Leu Phe Gln Leu Asn Glu Asn Thr Gly Glu
 85 90 95

55

Ile Ser Ile Ala Lys Ser Leu Asp Tyr Glu Glu Cys Ser Phe Tyr Glu
 100 105 110

Met Glu Ile Gln Ala Glu Asp Val Gly Ala Leu Leu Gly Arg Thr Lys
 115 120 125

5 Leu Leu Ile Ser Val Glu Asp Val Asn Asp Asn Arg Pro Glu Val Ile
 130 135 140

10 Ile Thr Ser Leu Phe Ser Pro Val Leu Glu Asn Ser Leu Pro Gly Thr
 145 150 155 160

Val Ile Ala Phe Leu Ser Val His Asp Gln Asp Ser Gly Lys Asn Gly
 165 170 175

15 Gln Val Val Cys Tyr Thr Arg Asp Asn Leu Pro Phe Lys Leu Glu Lys
 180 185 190

Ser Ile Gly Asn Tyr Tyr Arg Leu Val Thr Arg Lys Tyr Leu Asp Arg
 195 200 205

20 Glu Asn Val Ser Ile Tyr Asn Ile Thr Val Met Ala Ser Asp Leu Gly
 210 215 220

25 Thr Pro Pro Leu Ser Thr Glu Thr Gln Ile Ala Leu His Val Ala Asp
 225 230 235 240

Ile Asn Asp Asn Pro Pro Thr Phe Pro His Ala Ser Tyr Ser Ala Tyr
 245 250 255

30 Ile Leu Glu Asn Asn Leu Arg Gly Ala Ser Ile Phe Ser Leu Thr Ala
 260 265 270

His Asp Pro Asp Ser Gln Glu Asn Ala Gln Val Thr Tyr Ser Val Thr
 275 280 285

35 Glu Asp Thr Leu Gln Gly Ala Pro Leu Ser Ser Tyr Ile Ser Ile Asn
 290 295 300

40 Ser Asp Thr Gly Val Leu Tyr Ala Leu Gln Ser Phe Asp Tyr Glu Gln
 305 310 315 320

Ile Arg Asp Leu Gln Leu Leu Val Thr Ala Ser Asp Ser Gly Asp Pro
 325 330 335

45 Pro Leu Ser Ser Asn Met Ser Leu Ser Leu Phe Val Leu Asp Gln Asn
 340 345 350

Asp Asn Ala Pro Glu Ile Leu Tyr Pro Ala Leu Pro Thr Asp Gly Ser
 355 360 365

50 Thr Gly Val Glu Leu Ala Pro Arg Ser Ala Glu Arg Gly Tyr Leu Val
 370 375 380

55 Thr Lys Val Val Ala Val Asp Arg Asp Ser Gly Gln Asn Ala Trp Leu
 385 390 395 400

Ser Tyr Arg Leu Leu Lys Ala Ser Glu Pro Gly Leu Phe Ser Val Gly
 405 410 415

Leu His Thr Gly Glu Val Arg Thr Ala Arg Ala Leu Leu Asp Arg Asp
 420 425 430

5 Ala Leu Lys Gln Ser Leu Val Val Ala Val Gln Asp His Gly Gln Pro
 435 440 445

Pro Leu Ser Ala Thr Val Thr Leu Thr Val Ala Val Ala Asp Ser Ile
 450 455 460

10 Pro Glu Val Leu Thr Glu Leu Gly Ser Leu Lys Pro Ser Val Asp Pro
 465 470 475 480

15 Asn Asp Ser Ser Leu Thr Leu Tyr Leu Val Val Ala Val Ala Ala Ile
 485 490 495

Ser Cys Val Phe Leu Ala Phe Val Ala Val Leu Leu Gly Leu Arg Leu
 500 505 510

20 Arg Arg Trp His Lys Ser Arg Leu Leu Gln Asp Ser Gly Gly Arg Leu
 515 520 525

Val Gly Val Pro Ala Ser His Phe Val Gly Val Glu Glu Val Gln Ala
 530 535 540

25 Phe Leu Gln Thr Tyr Ser Gln Glu Val Ser Leu Thr Ala Asp Ser Arg
 545 550 555 560

30 Lys Ser His Leu Ile Phe Pro Gln Pro Asn Tyr Ala Asp Met Leu Ile
 565 570 575

Ser Gln Glu Gly Cys Glu Lys Asn Asp Ser Leu Leu Thr Ser Val Asp
 580 585 590

35 Phe His Glu Tyr Lys Asn Glu Ala Asp His Gly Gln Val Ser Leu Val
 595 600 605

40 Leu Cys Leu Leu Leu Ile Ser Arg
 610 615

P a t e n t k r a v

1. Renset og isolert polynukleotidsekvens,
5 k a r a k t e r i s e r t v e d at den koder for det humane protocadherin pc3 som angitt i SEQ ID nr: 110.
2. Polynukleotidsekvens ifølge krav 1,
k a r a k t e r i s e r t v e d at den er en DNA-sekvens.
10
3. DNA-sekvens ifølge krav 2,
k a r a k t e r i s e r t v e d at den er en cDNA-sekvens.
4. DNA-sekvens ifølge krav 2,
15 k a r a k t e r i s e r t v e d at den er en genomisk DNA-sekvens.
5. DNA-sekvens ifølge krav 2,
k a r a k t e r i s e r t v e d at den er helt eller del-
20 vis kjemisk syntetisert.
6. Polynukleotidsekvens ifølge krav 1,
k a r a k t e r i s e r t v e d at den omfatter sekvensen ifølge sekvens-ID nr. 109 som koder for humant protocadherin
25 pc3.
7. Biologisk funksjonell DNA-vektor,
k a r a k t e r i s e r t v e d at den omfatter en DNA-sekvens ifølge krav 2.
30
8. Vektor ifølge krav 7,
k a r a k t e r i s e r t v e d at DNA-sekvensen er operativt bundet til en ekspresjonskontroll-DNA-sekvens.
- 35 9. Vertscelle,
k a r a k t e r i s e r t v e d at den er transformert eller transfektert med en DNA-sekvens ifølge krav 2 på en måte som tillater ekspresjon i vertscellen av et protocadherin-

polypeptid.

10. Fremgangsmåte for fremstilling av et protocadherin-polypeptid,

5 k a r a k t e r i s e r t v e d trinnene med dyrkning av en vertscelle ifølge krav 9 i et egnet næringsmedium og isolering av protocadherinpolypeptidet fra cellen eller fra cellevekstmediet.

10 11. Renset og isolert, humant protocadherin pc3-polypeptid som angitt i SEQ ID nr: 110.

12. Antistoffmateriale,

15 k a r a k t e r i s e r t v e d at det er spesifikt for humant protocadherin pc3 som angitt i SEQ ID nr: 110.

13. Antistoffmateriale ifølge krav 12,

k a r a k t e r i s e r t v e d at det er et monoklonalt antistoff.

20

14. Hybridomcellelinje,

k a r a k t e r i s e r t v e d at den produserer et monoklonalt antistoff ifølge krav 13.

25 15. Protocadherinantistoffmateriale ifølge krav 12 eller 13 for anvendelse i en terapeutisk intervensjon av celle-celleadhesjon og/eller regulatoriske aktiviteter av humant protocadherin pc3 omfattende at nevnte protocadherin bringes i kontakt med nevnte antistoffmateriale.

30

16. Protocadherin pc3-fragment omfattende ett eller flere ekstracellulære domener av pc3 for anvendelse i en terapeutisk intervensjon av celle-celle-adhesjon og/eller regulatoriske aktiviteter av humant protocadherin pc3 som angitt i SEQ. ID.

35 nr.: 110, omfattende at nevnte protocadherin bringes i kontakt med nevnte protocadherinfragment.

17. Antistoffmateriale ifølge krav 12 eller 13 som er
spesifikt for humant protocadherin pc3 for anvendelse i en
terapeutisk fremgangsmåte for modulering av bindings-
aktiviteten av humant protocadherin pc3, omfattende at nevnte
5 protocadherin bringes i kontakt med nevnte antistoffmateriale.

18. Protocadherin pc3-fragment, omfattende ett eller
flere ekstracellulære domener av humant protocadherin pc3 med
SEQ. ID. nr. 110 for anvendelse i en terapeutisk fremgangsmåte
10 for modulering av bindingsaktiviteten av humant protocadherin
pc3, omfattende at nevnte protocadherin bringes i kontakt med
nevnte protocadherinfragment.