

(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)(11) 공개번호 10-2023-0121831
(43) 공개일자 2023년08월21일

- (51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 16/28 (2006.01) A61K 39/00 (2006.01)
A61P 13/12 (2006.01)
- (52) CPC특허분류
C07K 16/2842 (2013.01)
A61P 13/12 (2018.01)
- (21) 출원번호 10-2023-7023939
- (22) 출원일자(국제) 2021년12월17일
심사청구일자 없음
- (85) 번역문제출일자 2023년07월13일
- (86) 국제출원번호 PCT/IB2021/061926
- (87) 국제공개번호 WO 2022/130318
국제공개일자 2022년06월23일
- (30) 우선권주장
63/127,849 2020년12월18일 미국(US)
63/213,973 2021년06월23일 미국(US)

- (71) 출원인
모멘타 파머슈티컬스 인코포레이티드
미국 뉴저지 08560 타이더스빌 토렌턴-하버턴 로드 1125
- (72) 발명자
쿠르타직, 엘마
미국 매사추세츠 02142 비니 스트리트 캠프릿지 301
미도르 3세, 제임스 더블유.
미국 매사추세츠 02142 비니 스트리트 캠프릿지 301
베네두스, 크리스토퍼
미국 매사추세츠 02142 비니 스트리트 캠프릿지 301
- (74) 대리인
특허법인한성

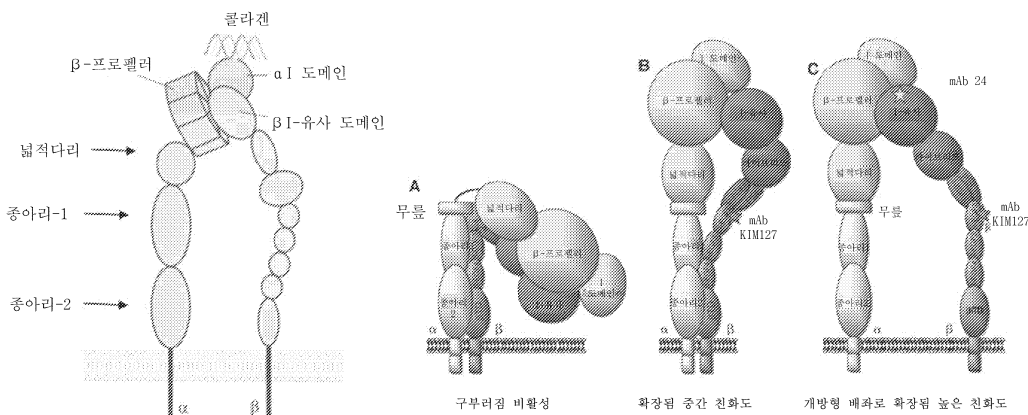
전체 청구항 수 : 총 23 항

(54) 발명의 명칭 인테그린 알파 11 베타 1에 대한 항체

(57) 요약

본 개시내용은 인테그린 알파 11 베타 1($\alpha 11\beta 1$)에 특이적으로 결합하는 항체, 및 이러한 항체의 제조 방법 및 사용 방법을 포함한다.

대표도 - 도1



(52) CPC특허분류

A61K 2039/505 (2013.01)

C07K 2317/24 (2013.01)

C07K 2317/33 (2013.01)

C07K 2317/76 (2013.01)

C07K 2317/92 (2013.01)

명세서

청구범위

청구항 1

SEQ ID NO: 103-443으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는, 항-인테그린 알파 11 베타 1 ($\alpha 11\beta 1$) 항체 또는 이의 항원 결합 단편.

청구항 2

SEQ ID NO: 103-207, 209, 211, 213, 216, 218, 220, 223, 225, 228, 233, 234, 236, 240, 241, 245, 247, 253, 255, 257, 259, 261, 265, 267, 269, 271, 275, 277, 279, 281, 283, 287, 289, 291, 293, 296, 300, 304, 306, 308, 310, 312, 314, 316, 318, 320, 322, 324, 325, 327, 329, 334, 336, 338, 340, 342, 344, 348, 351, 353, 355, 358, 360, 361, 364, 366, 368, 369, 374, 376, 377, 379, 380, 381, 383, 384, 385, 387, 389, 392, 393, 396, 398, 400, 402, 405, 408, 411, 또는 413-443 중 어느 하나에 포함된 CDR 서열을 포함하는, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편.

청구항 3

SEQ ID NO: 103-206, 또는 413-435 중 어느 하나에 포함된 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함하는, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편.

청구항 4

제1항에 있어서, SEQ ID NO: 103-114, 207-311 및 312-443으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편.

청구항 5

제2항에 있어서, SEQ ID NO: 103-114, 207, 209, 211, 213, 216, 218, 220, 223, 225, 228, 233, 234, 236, 240, 241, 245, 247, 253, 255, 257, 259, 261, 265, 267, 269, 271, 275, 277, 279, 281, 283, 287, 289, 291, 293, 296, 300, 304, 306, 308, 310, 312, 314, 316, 318, 320, 322, 324, 325, 327, 329, 334, 336, 338, 340, 342, 344, 348, 351, 353, 355, 358, 360, 361, 364, 366, 368, 369, 374, 376, 377, 379, 380, 381, 383, 384, 385, 387, 389, 392, 393, 396, 398, 400, 402, 405, 408, 411, 또는 413-443 중 어느 하나에 포함된 CDR 서열을 포함하는, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편.

청구항 6

제2항에 있어서, SEQ ID NO: 103-114, 또는 413-434 중 어느 하나에 포함된 하나 이상의 CDR 서열을 포함하는, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편.

청구항 7

제3항에 있어서, SEQ ID NO: 103-114 또는 413-434 중 어느 하나에 포함된 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함하는, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편.

청구항 8

제1항 내지 제7항 중 어느 한 항에 있어서, 단일클론 항체 또는 이의 항원 결합 단편인, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편.

청구항 9

제1항 내지 제8항 중 어느 한 항에 있어서, 인간화된 항체 또는 이의 항원 결합 단편인, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편.

청구항 10

제1항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서, 인간 $\alpha 11\beta 1$ 발현 세포에서 $\alpha 11\beta 1$ 과 콜라겐의 상호작용을 감소시키는, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편.

청구항 11

제1항 내지 제10항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 항체 또는 이의 항원 결합 단편과 경쟁하는, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편.

청구항 12

제1항 내지 제11항 중 어느 한 항의 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 코딩하는 핵산 서열을 포함하는 핵산.

청구항 13

제11항에 있어서, 상기 핵산 서열은 SEQ ID NO: 1-102로 이루어진 군으로부터 선택된 서열을 포함하는, 핵산.

청구항 14

제12항 또는 제13항의 핵산을 포함하는 벡터.

청구항 15

제12항 또는 제13항의 핵산 또는 제14항의 벡터를 포함하는 숙주 세포.

청구항 16

항체 또는 이의 항원 결합 단편을 생산하는 방법으로서, 상기 항체 또는 이의 항원 결합 단편의 발현에 적합한 조건 하에서 제14항의 숙주 세포를 배양하는 것을 포함하는, 방법.

청구항 17

만성 신장 질환을 갖거나 만성 신장 질환의 위험이 있는 대상체를 치료하는 방법으로서, 치료적 유효량의 제1항 내지 제11항 중 어느 한 항의 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 상기 대상체에게 투여하는 것을 포함하는, 방법.

청구항 18

제17항에 있어서, 만성 신장 질환은 원발성 사구체 질환(IgA 신병증 및 국소 분절성 사구체 경화증을 포함하나 이에 제한되지 않음), 속발성 사구체 질환(루푸스 신염을 포함하나 이에 제한되지 않음), 혈전성 미세혈관병증, 세뇨관간질 질환(폐쇄성 요로병증을 포함하나 이에 제한되지 않음), 당뇨병성 신병증, 고혈압 신병증, 허혈성 신병증, CKD의 심신 증후군, 사구체의 유전성 장애(알포트 증후군을 포함하나 이에 제한되지 않음), 신장의 낭성 질환(다낭성 신장 질환을 포함하나 이에 제한되지 않음), 또는 세뇨관의 유전성 장애이거나 이를 포함하는, 방법.

청구항 19

제17항 또는 제18항에 있어서, 치료적 유효량의 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 투여하는 것은 측정된 마커, 징후 및/또는 증상을 대조군에 비해 적어도 약 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85% 또는 90% 감소시키는, 방법.

청구항 20

제19항에 있어서, 상기 대조군은 항체 투여 전에 대상체에서 측정된 마커, 징후 및/또는 증상의 수준을 포함하는, 방법.

청구항 21

제19항에 있어서, 상기 대조군은 신장 관련 장애를 앓고 있는 대상체에서 측정된 마커, 징후 및/또는 증상의 수

준을 포함하는, 방법.

청구항 22

제19항에 있어서, 상기 대조군은 신장 관련 장애를 앓고 있는 대상체 집단에서 측정된 마커, 징후 및/또는 증상의 평균 수준을 포함하는, 방법.

청구항 23

제19항 내지 제22항 중 어느 한 항에 있어서, 상기 측정된 마커, 징후 및/또는 증상은 COL1A1, 피브로넥틴, PAI-1, IL-11, CXCL1, MCP-1, IL-6, TIMP-1, 히알루론산, TGF β , CTGF, PDGF, MMP9, 또는 이들의 조합이거나 이를 포함하는, 방법.

발명의 설명

기술 분야

[0001] 관련 출원의 교차 참조

[0002] 본 출원은 2020년 12월 18일자로 출원된 미국 임시 출원 제63/127,849호 및 2021년 6월 23일자로 출원된 미국 임시 출원 제63/213,973호의 우선권의 이익을 주장하며, 이들은 모든 목적을 위해 그 전체가 본원에 원용되어 포함된다.

[0003] 서열 목록

[0004] 본 출원은 ASCII 서식으로 전자적으로 제출된 서열 목록을 포함하며, 이는 그 전체가 본원에 원용되어 포함된다. 2021년 11월 19일자로 생성된 상기 ASCII 사본은 파일명이 2010403_0592_SL.txt이며 크기가 440,570 바이트이다.

배경 기술

[0005] 섬유증은 일반적으로 염증이나 조직 손상의 결과로 신체의 많은 조직에서 나타나는 흉터 과정이다. 세포의 기질의 생성 증가는 장기 부전 및 종종 사망을 초래한다. 섬유증과 관련된 질환은 선진국에서 전체 사망의 대략 45%를 차지한다(문헌[Wynn, T. A., 2008, *J Pathol.* 214:199-210]). 이러한 질환 중 하나는 전신성 경화증(SSc)이다. SSc는 만성 진행 과정과 환자 간 변동성이 높은 복잡한 자가 면역 질환이다. 이는 염증, 혈관 기능 장애 및 섬유증을 특징으로 한다. 피부와 내장 기관의 섬유화는 비가역적 흉터와 궁극적으로 장기 부전을 초래하여 높은 사망률을 초래한다. 현재 질환 수정 가능성이 있는 승인된 표적 치료법은 없다.

발명의 내용

[0006] 본 개시내용은 유형 I 콜라겐 수용체 인테그린 알파 11 베타 1($\alpha 11\beta 1$)에 대한 신규한 기능 차단 항체를 제공한다. 본 개시내용은 또한 섬유증 장애 및/또는 암을 치료하기 위한 이러한 항체의 용도를 제공한다.

[0007] 일 양태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 103-443으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공한다. 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 103-207, 209, 211, 213, 216, 218, 220, 223, 225, 228, 233, 234, 236, 240, 241, 245, 247, 253, 255, 257, 259, 261, 265, 267, 269, 271, 275, 277, 279, 281, 283, 287, 289, 291, 293, 296, 300, 304, 306, 308, 310, 312, 314, 316, 318, 320, 322, 324, 325, 327, 329, 334, 336, 338, 340, 342, 344, 348, 351, 353, 355, 358, 360, 361, 364, 366, 368, 369, 374, 376, 377, 379, 380, 381, 383, 384, 385, 387, 389, 392, 393, 396, 398, 400, 402, 405, 408, 411, 또는 413-443 중 어느 하나에 포함된 CDR 서열을 포함하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공한다. 또 다른 양태에서 본 개시내용은 SEQ ID NO: 103-206, 또는 413-435 중 어느 하나에 포함된 CDR1, CDR2 및 CDR3를 포함하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공한다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 SEQ ID NO: 103-114, 207-311 및 312-443으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 SEQ ID NO: 103-114, 207, 209, 211, 213, 216, 218, 220, 223, 225, 228, 233, 234, 236, 240, 241, 245, 247, 253, 255, 257, 259, 261, 265, 267, 269, 271, 275, 277, 279, 281, 283, 287, 289, 291, 293, 296, 300, 304, 306, 308, 310, 312, 314, 316, 318, 320, 322, 324, 325, 327, 329, 334, 336,

338, 340, 342, 344, 348, 351, 353, 355, 358, 360, 361, 364, 366, 368, 369, 374, 376, 377, 379, 380, 381, 383, 384, 385, 387, 389, 392, 393, 396, 398, 400, 402, 405, 408, 411, 또는 413-443 중 어느 하나에 포함된 CDR 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 SEQ ID NO: 103-114 또는 413-434 중 어느 하나에 포함된 하나 이상의 CDR 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 SEQ ID NO: 103-114, 또는 413-434 중 어느 하나에 포함된 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함한다.

[0008] 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 단일클론 항체 또는 이의 항원 결합 단편이다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 인간화된 항체 또는 이의 항원 결합 단편이다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 인간 $\alpha 11\beta 1$ 발현 세포에서 $\alpha 11\beta 1$ 과 콜라겐의 상호작용을 감소시킨다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 본원에 설명된 항체 또는 이의 항원 결합 단편과 경쟁한다.

[0009] 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 본원에 기재된 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 코딩하는 핵산 서열을 포함하는 핵산을 제공한다. 일부 실시형태에서, 핵산 서열은 SEQ ID NO: 1-102로 이루어진 군으로부터 선택된 서열을 포함한다.

[0010] 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 본원에 기재된 핵산을 포함하는 벡터를 제공한다.

[0011] 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 본원에 기재된 핵산 또는 본원에 기재된 벡터를 포함하는 숙주 세포를 제공한다.

[0012] 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 항체 또는 이의 항원 결합 단편의 발현에 적합한 조건 하에 본원에 기재된 숙주 세포를 배양하는 것을 포함하는, 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 생산하는 방법을 제공한다.

[0013] 또 다른 양태에서, 본 개시내용은 만성 신장 질환을 앓거나 만성 신장 질환의 위험이 있는 대상체를 치료하는 방법을 제공하며, 상기 방법은 대상체에게 치료적 유효량의 본원에 기재된 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 투여하는 것을 포함한다. 일부 실시형태에서, 만성 신장 질환은 원발성 사구체 질환(IgA 신병증 및 국소 분절성 사구체 경화증을 포함하나 이에 제한되지 않음), 속발성 사구체 질환(루푸스 신염을 포함하나 이에 제한되지 않음), 혈전성 미세혈관병증, 세뇨관간질 질환(폐쇄성 요로병증을 포함하나 이에 제한되지 않음), 당뇨병성 신병증, 고혈압 신병증, 허혈성 신병증, CKD의 심신 증후군, 사구체의 유전성 장애(알포트 증후군을 포함하나 이에 제한되지 않음), 신장의 낭성 질환(다낭성 신장 질환을 포함하나 이에 제한되지 않음), 또는 세뇨관의 유전성 장애이거나 이를 포함한다. 일부 실시형태에서, 치료적 유효량의 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 투여하는 것은 측정된 마커, 징후 및/또는 증상을 대조군에 비해 적어도 약 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85% 또는 90% 감소시킨다. 일부 실시형태에서, 대조군은 항체 투여 전에 대상체에서 측정된 마커, 징후 및/또는 증상의 수준을 포함한다. 일부 실시형태에서, 대조군은 신장 관련 장애를 앓고 있는 대상체에서 측정된 마커, 징후 및/또는 증상의 수준을 포함한다. 일부 실시형태에서, 대조군은 신장 관련 장애를 앓고 있는 대상체 집단에서 측정된 마커, 징후 및/또는 증상의 평균 수준을 포함한다. 일부 실시형태에서, 측정된 마커, 징후 및/또는 증상은 COL1A1, 피브로넥틴, PAI-1, IL-11, CXCL1, MCP-1, IL-6, TIMP-1, 히알루론산, TGF β , CTGF, PDGF, MMP9, 또는 이들의 조합이거나 이를 포함한다.

도면의 간단한 설명

[0014] 본원에 기술된 본 교시는 첨부된 도면과 함께 읽을 때 다양한 예시적인 실시형태의 다음 설명으로부터 더 완전히 이해될 것이다. 아래에 설명된 도면은 단지 설명을 위한 것이며 어떠한 방식으로든 본 교시의 범위를 제한하려는 의도가 아님을 이해해야 한다.

도 1은 인테그린 구조의 표현을 도시한다. 패널은 콜라겐 결합 인테그린의 구조와 세포 표면에 존재할 수 있는 세 가지 다른 배좌(conformation)의 인테그린을 보여준다.

도 2a는 인간 $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 예시적인 마우스 단일클론 항체의 결합에 대한 ELISA 분석을 보여주는 차트를 도시한다.

도 2b는 마우스 $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 마우스 단일클론 항체의 결합에 대한 예시적인 ELISA 분석을 보여주는 차트를 도시한다.

도 3a는 인간 $\alpha 11\beta 1$ I 도메인에 대한 예시적인 래트 단일클론 항체의 결합에 대한 ELISA 분석을 예시하는 그

래프를 도시한다.

도 3b는 인간 $\alpha 11\beta 1$ I 도메인에 대한 예시적인 마우스 단일클론 항체의 결합에 대한 ELISA 분석을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 4a는 인간 $\alpha 11\beta 1$ 을 발현하는 CHO-K1 세포에 대한 예시적인 래트 단일클론 항체의 결합의 FACS 분석을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 4b는 인간 $\alpha 11\beta$ 를 발현하는 CHO-K1 세포에 대한 예시적인 마우스 단일클론 항체의 결합의 FACS 분석을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 5는 인간 폐 섬유모세포(HPF) 및 근섬유모세포(MF)에 대한 예시적인 마우스 단일클론 항체의 결합의 FACS 분석을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 6a는 인간 $\alpha 11$ 을 발현하는 CHO-K1 세포의 래트 꼬리 유형 I 콜라겐에 대한 부착을 억제하는 예시적인 래트 단일클론 항체의 능력을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 6b는 인간 $\alpha 11$ 을 발현하는 CHO-K1 세포의 래트 꼬리 유형 I 콜라겐에 대한 부착을 억제하는 예시적인 토끼 단일클론 항체의 능력을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 6c는 인간 $\alpha 11$ 을 발현하는 CHO-K1 세포의 래트 꼬리 유형 I 콜라겐에 대한 부착을 억제하는 예시적인 마우스 단일클론 항체의 능력을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 7a는 α SMA 상향조절의 퍼센트 억제에 의해 측정된 바와 같이 섬유모세포에서 근섬유모세포로의 전이(FMT)를 억제하는 예시적인 래트 단일클론 항체의 능력을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 7b는 α SMA 상향조절의 퍼센트 억제에 의해 측정된 바와 같이 섬유모세포에서 근섬유모세포로의 전이(FMT)를 억제하는 예시적인 토끼 단일클론 항체의 능력을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 7c는 α SMA 상향조절의 퍼센트 억제에 의해 측정된 바와 같이 섬유모세포에서 근섬유모세포로의 전이(FMT)를 억제하는 예시적인 마우스 단일클론 항체의 능력을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 8은 CHO-K1 인간 $\alpha 11$ -매개 래트 꼬리 유형 I 콜라겐 겔 수축을 억제하는 예시적인 단일클론 항체의 능력을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 9는 표면 플라즈몬 공명(SPR)을 통한 인간 $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 예시적인 단일클론 항체의 친화도를 나타내는 그래프를 도시한다.

도 10a 및 **도 10b**는 표면 플라즈몬 공명(SPR)을 통한 인간 $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 예시적인 단일클론 항체의 친화도를 나타내는 그래프를 도시한다.

도 11a 및 **도 11b**는 CHO 세포 표면에서 발현된 $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 선택된 토끼, 래트, 마우스 및 인간 단일클론 항체의 결합 능력을 보여주는 그래프를 도시한다.

도 12는 인간 폐 섬유모세포(HPF) 및 근섬유모세포(MF)에 대한 예시적인 단일클론 항체의 결합의 FACS 분석을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 13은 인간 근섬유모세포(MF)에 대한 예시적인 단일클론 항체의 결합의 FACS 분석을 예시하는 그래프 및 표를 도시한다.

도 14는 CHO 세포 표면에서 발현된 $\alpha 11\beta 1$ 에 대해 선택된 단일클론 항체의 결합 능력을 나타내는 그래프를 도시한다.

도 15a 및 **도 15b**는 인간 $\alpha 11$ 을 발현하는 CHO 세포의 래트 꼬리 유형 I 콜라겐에 대한 부착을 억제하는 예시적인 단일클론 항체의 능력을 예시하는 그래프를 도시한다.

도 16은 SCID 마우스에서 이종이식편 성장에 대한 예시적인 단일클론 항체의 효과를 예시하는 그래프를 도시한다.

도 17a, **도 17b** 및 **도 17c**는 정밀 절단 간 절편(PCLS)의 용해성 섬유화 촉진 마커에 대한 예시적인 단일클론 항체의 효과를 설명한다.

도 18a, **도 18b** 및 **도 18c**는 정밀 절단 신장 절편(PCKS)의 용해성 섬유화 촉진 마커 Col1a1에 대한 예시적인 단

일클론 항체의 효과를 예시한다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

- [0015] 본 개시내용은 부분적으로 $\alpha 11\beta 1$ 에 선택적으로 결합하는 신규 항체의 발견에 기초한다. 본 개시내용은 또한 상기 항체를 코딩하는 핵산 및 섬유증 성분을 포함하는 섬유증 및 질환의 치료에 사용하는 방법에 관한 것이다.
- [0016] **섬유증 및 질환**
- [0017] 섬유증은 일반적으로 염증이나 조직 손상의 결과로 신체의 많은 조직에서 나타나는 흉터 과정이다. 세포의 기질의 생성 증가는 장기 부전 및 종종 사망을 초래한다. 섬유증과 관련된 질환은 선진국에서 전체 사망의 대략 45%를 차지한다(문헌[Wynn, T. A., 2008, *J Pathol.* 214:199-210]). 이러한 질환 중 하나는 전신성 경화증(SSc)이다. SSc는 만성 진행 과정과 환자 간 변동성이 높은 복잡한 자가 면역 질환이다. 이는 염증, 혈관 기능 장애 및 섬유증을 특징으로 한다. 피부와 내장 기관의 섬유화는 비가역적 흉터와 궁극적으로 장기 부전을 초래하여 높은 사망률을 초래한다. 현재 질환 수정 가능성이 있는 승인된 표적 치료법은 없다.
- [0018] 조직 복구(및 섬유증)를 위한 세포의 기질(ECM) 생산을 담당하는 세포는 근섬유모세포(MF)라고 하는 특수 유형의 섬유모세포이다. 섬유증의 메커니즘이 광범위하게 연구되었지만 이 복잡한 과정은 잘 이해되지 않았다. 섬유증의 가장 중요한 동인에 초점을 맞추기 위해 공개된 환자 파생 데이터세트(SSc 환자 데이터 및 정상 대조군)를 인하우스(in-house) 파생된 신규한 데이터 분석 방법론을 사용하여 조사했다. 이 분석은 유형 I 콜라겐 결합 인테그린 알파 11 베타 1($\alpha 11\beta 1$)이 섬유증 조절을 위한 최고의 표적 중 하나로 식별되도록 한다.
- [0019] 현재까지 섬유증에 대한 진정한 질환 수정 치료제는 없다. 특발성 폐 섬유증(IPF)에 대해 승인된 두 가지 치료법인 닌테다닙과 피르페니돈은 불량하게 작동하고 질환을 수정하지 않으며, 현재까지 전신성 경화증(SSc)에 대해 승인된 치료법이 없다. 일부 실시형태에서, 섬유성 장애는 특발성 폐 섬유증(IPF), 만성 신장 질환, 당뇨병성 심근병증, 원발성 경화성 담관염(PSC), 원발성 담즙성 간경변증(PBC), 비알코올성 지방간 질환(NAFLD/NASH), 크론병, 궤양성 대장염 또는 전신성 경화증(SSc)이거나 이를 포함한다. 일부 실시형태에서, 섬유증 장애는 심방 섬유증, 심내막 섬유증, 관절 섬유증, 종격동 섬유증, 골수 섬유증, 진행성 거대 섬유증, 후복막 섬유증 또는 골격근 섬유증이거나 이를 포함한다.
- [0020] 종양 미세 환경의 임상적 특징 중 하나는 종양과 간질 사이의 상호 작용이며, 이는 주로 ECM 구성 요소 및 성장 인자와 상호 작용하는 다양한 인테그린에 의존한다. 이러한 상호 작용은 종양 생존, 진행 및 궁극적으로 전이에 영향을 미칠 수 있다. $\alpha 11\beta 1$ 은 전이성 종양의 암 관련 섬유모세포(CAF)에서 과발현되는 것으로 보고되었으며, 그 발현은 환자의 공격적인 종양과 관련이 있다. 예를 들어, 인테그린 $\alpha 11$ 은 대부분의 두경부 편평 세포 암종(HNSCC)의 간질에서 과발현되었고 알파 평활근 액틴 발현과 양의 상관관계가 있었다(문헌[Parajuli et al., *J. Oral Pathol. Med.* 46:267-275 (2017)]). 인테그린 $\alpha 11$ 은 또한 췌관 선암종(PDAC) 간질에서 CAF에 의해 과발현되었다(문헌[Schnittert et al., *FASEB J.* 33:6609-6621 (2019)]). 또한, 종양 기질에서 인테그린 $\alpha 11\beta 1$ 과발현은 종양 성장 및 비소세포 폐암(NSCLC)의 전이 가능성과 관련이 있고, ITGA11(인간에서 인테그린 알파-11을 코딩하는 유전자)의 높은 발현은 모든 NSCLC 환자에서 더 낮은 무재발 생존율과 관련이 있었다; 동일한 연구에서 폐암 세포주에서 $\alpha 11$ 과발현이 이동 및 침입을 증가시키는 것으로 나타났다(문헌[Ando et al., *Cancer Sci.* 111:200-208 (2020)]).
- [0021] **인테그린**
- [0022] 인테그린은 유형 I 막관통 이중이량체 당단백질 수용체의 큰 계열이며 세포 부착에 대한 주요 수용체로 작용한다. 수용체의 인테그린 계열은 세포 부착, 이동, 증식, 분화 및 세포사멸을 조절하는 신호 전달 경로를 조절하는 데 중요한 역할을 한다. 18개의 α 및 8개의 β 서브유닛이 결합되어 24개의 인테그린 헤테로이량체를 형성한다. 각각의 인테그린 수용체는 2개의 비공유결합 서브유닛인 α 와 β 를 포함한다. 인테그린 $\alpha 1\beta 1$, $\alpha 2\beta 1$, $\alpha 10\beta 1$ 및 $\alpha 11\beta 1$ 은 주요 콜라겐 수용체이다. α 및 β 서브유닛은 세포골격 상호작용을 매개하는 크고 모듈화된 세포의 도메인, 단일 막관통 나선 및 짧은 세포질 영역을 갖는 막관통 단백질이다. 인테그린의 세포 외 도메인은 일반적으로 크며 대략 80 내지 150 kDa 구조이다. 세포 외 도메인은 두 개의 다리에 연결된 헤드 피스를 포함하는 것으로 볼 수 있다(콜라겐 결합 인테그린의 구조에 대해서는 도 1 참조). 콜라겐 결합 인테그린은 리간드 결합 부위 역할을 하는 I 도메인을 함유한다. α I-도메인은 2가 금속 양이온(Mg^{2+})에 결합하고 리간드 결합에서 중요한 역할을 하는 보존된 "금속 이온 의존 접착 부위"(MIDAS)를 함유한다.
- [0023] 인테그린은 세 가지 다른 배좌로 존재할 수 있다: 1) 리간드 결합 부위를 함유하는 헤드 피스가 멤브레인 쪽으

로 향하는 휴지, 낮은 친화도 상태(구부러진 배좌, 도 1, 패널 A); 2) 인테그린이 확장되지만 헤드 피스가 '단힌' 상태로 유지되는 확장된 중간 친화도 상태(도 1, 패널 B) 및 3) 인테그린이 완전히 활성화되어 리간드에 쉽게 결합하는 확장된 높은 친화도 상태. 상이한 인테그린 상태의 복잡성은 인테그린 기능을 억제하는 알로스테릭 및 리간드 차단 방법 모두를 허용한다. 도 1에서 별표로 표시된 것처럼 인테그린의 기능을 차단하는 알로스테릭 방법 중 하나는 인테그린이, 확장된 중간적 배좌에서 완전히 확장된 배좌에 도달하는 것을 방지하는 단일 클론 항체를 생성하는 것이다. 또 다른 알로스테릭 옵션은 구부러진/비활성 배좌로 인테그린을 결합하고 다른 두 상태 중 하나로 확장되지 않도록 하는 것이다. 인테그린 기능을 억제하는 비-알로스테릭 방법은 I 도메인에 결합하여 인테그린이 콜라겐에 부착되는 것을 방지하는 것이다. 리간드 결합 부위에 대한 결합은 인테그린 기능의 재조합 활성제를 생성할 위험이 직접 있다.

[0024] 세포 표면 수용체로서 인테그린은 주변 매트릭스의 강성을 감지하여 세포가 섬유성 표현형을 영구화할 수 있는 결합 조직을 더 생산하고 개조하도록 촉발한다. 많은 인테그린이 섬유증에서 과발현되지만 어떤 알파 소단위가 섬유증이 발생하기에 충분한지는 명확하지 않다. $\alpha 11\beta 1$ 인테그린은 섬유모세포 및 근섬유모세포(즉, 말단 흉터 생성 세포)의 하위 집합에서 특이적으로 발현된다. 최근 문헌은 $\alpha 11\beta 1$ 이 심장 조직, 간, 폐 및 신장에서 섬유화 표현형의 주요 동인 중 하나라는 강력한 증거를 제공했다(문헌[Romaine, A. et. al. Overexpression of integrin alpha 11 induces cardiac fibrosis in mice. Acta Physiol Feb 2018, 222(2)]; 문헌[Bansal, R. et.al. Integrin alpha 11 in the regulation of the myofibroblast phenotype: implications for fibrotic diseases. Exp Mol Med. 2017 Nov 17:49(11)]). $\alpha 11\beta 1$ 기능을 차단하면 근섬유모세포 분화 및 세포외 기질 침착(즉, 흉터 형성의 주요 사건)을 억제할 수 있고 $\alpha 11\beta 1$ 기능을 차단하면 섬유화 미세 환경을 근본적으로 변화시키고 섬유화 구성 요소가 있는 모든 질환의 질환 진행을 수정할 수 있는 섬유화의 국부적, 손상 특이적 감쇠 메커니즘을 제공할 수 있다.

[0025] 일부 실시형태에서, 본 개시내용의 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 인간 $\alpha 11\beta 1$ 발현 세포에서 $\alpha 11\beta 1$ 과 콜라겐의 상호작용을 감소시킨다. 일부 실시형태에서, 인간 $\alpha 11\beta 1$ 을 발현하는 세포에서 $\alpha 11\beta 1$ 과 콜라겐의 상호작용을 감소시키는 것은 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 포함하며, 휴지기의 낮은 친화도 상태(구부러진 배좌)에 있는 $\alpha 11\beta 1$ 과 상호작용한다. 일부 실시형태에서, 인간 $\alpha 11\beta 1$ 발현 세포에서 $\alpha 11\beta 1$ 과 콜라겐의 상호작용을 감소시키는 것은 연장된 중간 친화도 상태에 있는 $\alpha 11\beta 1$ 과 상호작용하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 포함한다. 일부 실시형태에서, 인간 $\alpha 11\beta 1$ 발현 세포에서 $\alpha 11\beta 1$ 과 콜라겐의 상호작용을 감소시키는 것은 확장된 높은 친화도 상태에 있는 $\alpha 11\beta 1$ 과 상호작용하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 포함한다.

[0026] **항체**

[0027] 용어 "항체"는 본원에서 가장 넓은 의미로 사용되며 단일클론 항체, 폴리클론 항체, 다중특이적 항체(예를 들어, 이중특이적 항체) 및/또는 항체 단편(바람직하게는 원하는 항원 결합 활성을 나타내는 단편)을 포함하나 이에 제한되지 않는 다양한 항체 구조를 포함한다. 본원에 기술된 항체는 면역글로불린, 중쇄 항체, 경쇄 항체, LRR 기반 항체 또는 항체 유사 특성을 가진 기타 단백질 스캐폴드, 뿐만 아니라 예를 들어, Fab, Fab', Fab'2, Fab2, Fab3, F(ab')2, Fd, Fv, Fab, scFv, SMIP, 항체, 디아바디, 트리아바디, 테트라바디, 미니바디, 맥시바디, 탄답, DVD, BiTe, TandAb, 등을 포함하는 당업계에 알려진 다른 면역학적 결합 모이어티, 또는 이들의 임의의 조합일 수 있다. 상이한 부류의 항체의 서브유닛 구조 및 3차원 구성은 당업계에 알려져 있다.

[0028] "단일클론 항체" 또는 "mAb"는 실질적으로 동종인 항체 집단으로부터 수득한 항체를 지칭하며, 즉 집단을 구성하는 개별 항체는 동일하고/동일하거나 가능한 변이체 항체를 제외하고는 동일한 에피토프에 결합하며(예를 들어, 자연적으로 발생하는 돌연변이를 함유하거나 단일클론 항체 제제의 생산 중에 발생), 이러한 변이체는 일반적으로 소량으로 존재한다. 전형적으로 상이한 결정인자(에피토프)에 대한 상이한 항체를 포함하는 폴리클론 항체 제제와 대조적으로, 단일클론 항체 제제의 각각의 단일클론 항체는 항원 상의 단일 결정인자에 대한 것이다.

[0029] "항원-결합 단편"은 무손상 항체가 결합하는 항원에 결합하는 무손상 항체의 일부를 지칭한다. 항체의 항원 결합 단편은 복합체를 형성하기 위해 항원에 특이적으로 결합하는 임의의 자연 발생적, 효소적으로 수득 가능한, 합성 또는 유전적으로 조작된 폴리펩티드 또는 당단백질을 포함한다. 예시적인 항체 단편은 다음을 포함하나 이에 제한되지 않는다: Fv, Fab, Fab', Fab'-SH, F(ab')2; 디아바디; 선형 항체; 단쇄 항체 분자(예를 들어 scFv 또는 VHH 또는 VH 또는 VL 도메인만); 및 항체 단편으로부터 형성된 다중특이적 항체. 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 항체의 항원 결합 단편은 scFv이다. 전체 항체 분자와 마찬가지로 항원 결합 단

편은 단일특이적 또는 다중특이적(예를 들어, 이중특이적)일 수 있다. 항체의 다중특이적 항원 결합 단편은 적어도 2개의 상이한 가변 도메인을 포함할 수 있고, 여기서 각각의 가변 도메인은 별도의 항원 또는 동일한 항원의 상이한 에피토프에 특이적으로 결합할 수 있다.

[0030] "다중특이적 항체"는 적어도 2개의 상이한 항원을 인식하고 특이적으로 결합하는 적어도 2개의 상이한 항원 결합 도메인을 포함하는 항체를 지칭한다. "이중특이적 항체"는 다중특이적 항체의 일종으로서 적어도 2개의 상이한 항원을 인식하고 특이적으로 결합하는 2개의 상이한 항원 결합 도메인을 포함하는 항체를 지칭한다.

[0031] "상이한 항원"은 상이한 그리고/또는 별개의 단백질, 폴리펩티드 또는 분자; 뿐만 아니라 상이한 그리고/또는 별개의 에피토프(이 에피토프는 하나의 단백질, 폴리펩티드 또는 다른 분자 내에 포함될 수 있음)를 지칭할 수 있다.

[0032] 용어 "에피토프"는 파라토프로 알려진 항체 분자의 가변 영역에서 특정 항원 결합 부위와 상호 작용하는 항원 결정자를 지칭한다. 단일 항원은 하나 초과에 에피토프를 가질 수 있다. 따라서, 상이한 항체는 항원의 상이한 영역에 결합할 수 있고 상이한 생물학적 효과를 가질 수 있다. 용어 "에피토프"는 또한 B 세포 및/또는 T 세포가 반응하는 항원 부위를 지칭한다. 이는 또한 항체에 의해 결합되는 항원의 영역을 지칭한다. 에피토프는 구조적 또는 기능적이라고 정의될 수 있다. 기능적 에피토프는 일반적으로 구조적 에피토프의 하위 집합이며 상호 작용의 친화도에 직접적으로 기여하는 잔기를 가지고 있다. 에피토프는 또한 배좌적(conformational)일 수 있으며, 즉, 비선형 아미노산으로 구성된다. 특정 실시형태에서, 에피토프는 아미노산, 당 측쇄, 포스포릴 기 또는 술포닐 기와 같은 분자의 화학적 활성 표면 그룹화인 결정자를 포함할 수 있고, 특정 실시형태에서, 특정 3차원 구조적 특성 및/또는 특정 전하 특성을 가질 수 있다.

[0033] 본원에서 사용되는 "선택적 결합", "선택적으로 결합하다" "특이적 결합" 또는 "특이적으로 결합하다"는, 항원 결합 모이어티 및 항원 표적과 관련하여, 항원 결합 모이어티가, 항원 표적이 아닌 실체에 말고 항원 표적에 우선적으로 회합되는 것을 지칭한다. 항원 결합 모이어티와 비표적 사이에는 어느 정도의 비특이적 결합이 발생할 수 있다. 일부 실시형태에서, 항원 결합 모이어티와 항원 표적 사이의 결합이 항원 결합 모이어티와 비-표적의 결합과 비교하여 2배 초과, 5배 초과, 10배 초과, 또는 100배 초과인 경우 항원 결합 모이어티는 항원 표적에 선택적으로 결합한다. 일부 실시형태에서, 항원 결합 모이어티는 결합 친화도가 약 10^{-5} M 미만, 약 10^{-6} M 미만, 약 10^{-7} M 미만, 약 10^{-8} M 미만, 또는 약 10^{-9} M 미만인 경우 항원 표적에 선택적으로 결합한다.

[0034] 일부 실시형태에서, 항원에 결합하기 위해 종종 교차 경쟁할 동일한 에피토프 또는 중복 에피토프에 선택적으로 결합하는 항체 또는 이의 단편. 따라서, 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 본원에 개시된 바와 같은 예시적인 항체 또는 이의 단편과 교차 경쟁하는 항체 또는 이의 단편을 제공한다. 일부 실시형태에서, "교차 경쟁하다", "경쟁하다", "교차 경쟁" 또는 "경쟁"은 항체 또는 이의 단편이 표적 상의 동일한 에피토프 또는 결합 부위에 대해 경쟁한다는 것을 의미한다. 이러한 경쟁은 참조 항체 또는 이의 단편이 시험 항체 또는 이의 단편의 특이적 결합을 방지하거나 억제하는 분석법에 의해 결정될 수 있으며, 그 역도 마찬가지이다. 시험 분자가 결합을 위해 참조 분자와 경쟁하는지 여부를 결정하기 위해 다양한 유형의 경쟁적 결합 검정을 사용할 수 있다. 사용할 수 있는 검정의 예는 고체 상 직접 또는 간접 방사면역검정(RIA), 고체 상 직접 또는 간접 효소 면역검정(EIA), 샌드위치 경쟁 검정(예를 들어, 문헌[Stahli et al. (1983) Methods in Enzymology 9:242-253] 참조), 고체 상 직접 비오틴-아비딘 EIA(예를 들어, 문헌[Kirkland et al., (1986) J. Immunol. 137:3614-9] 참조), 고체 상 직접 표지 검정, 고체 상 직접 표지 샌드위치 검정, Luminex(문헌[Jia et al. "A novel method of Multiplexed Competitive Antibody Binning for the characterization of monoclonal antibodies" J. Immunological Methods (2004) 288, 91-98]) 및 표면 플라즈몬 공명(문헌[Song et al. "Epitope Mapping of Ibalizumab, a Humanized Anti-CD4 Monoclonal Antibody with Anti-HIV-1 Activity in Infected Patients" J. Virol. (2010) 84, 6935-42])을 포함한다. 일반적으로 경쟁 항체 또는 이의 단편이 과잉으로 존재하는 경우 참조 항체 또는 이의 단편이 공통 항원에 결합하는 것을 적어도 50%, 55%, 60%, 65%, 70% 또는 75% 억제할 것이다. 일부 경우에, 결합은 적어도 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 그 이상 억제된다.

[0035] 항체는 4개의 폴리펩티드 사슬, 예를 들어 2개의 중쇄(H) 및 2개의 경쇄(L)의 면역글로불린 분자일 수 있다. 일부 실시형태에서, 경쇄는 람다 경쇄이다. 일부 실시형태에서, 경쇄는 카파 경쇄이다. 중쇄는 중쇄 가변 도메인 및 중쇄 불변 도메인을 포함할 수 있다. 중쇄 불변 도메인은 CH1, 힌지, CH2, CH3 및 일부 경우 CH4 영역을 포함할 수 있다. 경쇄는 경쇄 가변 도메인 및 경쇄 불변 도메인을 포함할 수 있다. 경쇄 불변 도메인은 CL을 포함할 수 있다.

- [0036] 중쇄의 중쇄 가변 도메인 및 경쇄의 경쇄 가변 도메인은 일반적으로 상보성 결정 영역(CDR)이라고 하는 가변성 영역으로 더 세분될 수 있으며, 프레임워크 영역(FR)이라고 하는 보다 보존된 영역이 산재되어 있다. 이러한 중쇄 및 경쇄 가변 도메인은 각각 다음 순서로 아미노-말단에서 카르복실-말단까지 배열된 3개의 CDR 및 4개의 프레임워크 영역을 포함할 수 있다: FR1, CDR1, FR2, CDR2, FR3, CDR3, FR4(이 중 하나 이상은 본원에 기술된 바와 같이 조작될 수 있음). 중쇄의 CDR은 각각 "CDRH1", "CDRH2" 및 "CDRH3"로 지정되고, 경쇄의 CDR은 "CDRL1", "CDRL2" 및 "CDRL3"으로 지정된다.
- [0037] 항체에는 5가지 주요 부류가 있다: IgA, IgD, IgE, IgG 및 IgM, 그리고 이들 중 일부는 예를 들어 IgG1, IgG2, IgG3, IgG4, IgA1 및 IgA2와 같은 하위부류(이소형)로 더 나눌 수 있다. 상이한 클래스의 면역글로불린에 해당하는 중쇄 불변 도메인을 각각 α , δ , ϵ , γ 및 μ 라고 한다.
- [0038] 예시적인 항체
- [0039] 본 개시내용은 본원에 기재된 다양한 중쇄 및 경쇄를 포함할 수 있는 항체를 제공한다. 일부 실시형태에서, 항체는 2개의 중쇄 및 경쇄를 포함한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 본원에 개시된 바와 같은 적어도 하나의 중쇄 및/또는 경쇄, 본원에 개시된 바와 같은 적어도 하나의 중쇄 프레임워크 도메인 및/또는 경쇄 프레임워크 도메인, 본원에 개시된 바와 같은 적어도 하나의 중쇄 CDR 도메인 및/또는 경쇄 CDR 도메인, 및/또는 본원에 개시된 바와 같은 임의의 중쇄 불변 도메인 및/또는 경쇄 불변 도메인을 포함하는 항체를 포함한다.
- [0040] 일부 실시형태에서, 본원에 개시된 항체는 동종이량체 단일클론 항체이다. 일부 실시형태에서, 본원에 개시된 항체는 이종이량체 항체이다. 일부 실시형태에서, 항체는 예를 들어 전형적인 항체 또는 디아바디, 트리아바디, 테트라바디, 미니바디, 맥시바디, 탄답, DVD, BiTe, scFv, TandAb scFv, Fab, Fab2, Fab3, F(ab')₂, 등, 또는 이들의 조합이다.
- [0041] 본 개시내용은 특히 항-인테그린 알파 11 베타 1($\alpha 11\beta 1$) 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공한다. 일부 실시형태에서, $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 SEQ ID NO: 103-443으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 SEQ ID NO: 103-207, 209, 211, 213, 216, 218, 220, 223, 225, 228, 233, 234, 236, 240, 241, 245, 247, 253, 255, 257, 259, 261, 265, 267, 269, 271, 275, 277, 279, 281, 283, 287, 289, 291, 293, 296, 300, 304, 306, 308, 310, 312, 314, 316, 318, 320, 322, 324, 325, 327, 329, 334, 336, 338, 340, 342, 344, 348, 351, 353, 355, 358, 360, 361, 364, 366, 368, 369, 374, 376, 377, 379, 380, 381, 383, 384, 385, 387, 389, 392, 393, 396, 398, 400, 402, 405, 408, 411, 또는 413-435 중 어느 하나에 포함된 CDR 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 SEQ ID NO: 103-206, 또는 413-443 중 어느 하나에 포함된 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함한다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 SEQ ID NO: 103-114, 207-311 및 312-443으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 SEQ ID NO: 103-114, 207, 209, 211, 213, 216, 218, 220, 223, 225, 228, 233, 234, 236, 240, 241, 245, 247, 253, 255, 257, 259, 261, 265, 267, 269, 271, 275, 277, 279, 281, 283, 287, 289, 291, 293, 296, 300, 304, 306, 308, 310, 312, 314, 316, 318, 320, 322, 324, 325, 327, 329, 334, 336, 338, 340, 342, 344, 348, 351, 353, 355, 358, 360, 361, 364, 366, 368, 369, 374, 376, 377, 379, 380, 381, 383, 384, 385, 387, 389, 392, 393, 396, 398, 400, 402, 405, 408, 411, 또는 413-443 중 어느 하나에 포함된 CDR 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 SEQ ID NO: 103-114 또는 413-434 중 어느 하나에 포함된 하나 이상의 CDR 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 SEQ ID NO: 103-114, 또는 413-434 중 어느 하나에 포함된 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함한다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 단일클론 항체 또는 이의 항원 결합 단편이다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 인간화된 항체 또는 이의 항원 결합 단편이다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 인간 $\alpha 11\beta 1$ 발현 세포에서 $\alpha 11\beta 1$ 과 콜라겐의 상호작용을 감소시킨다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 103-443으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는 항체 또는 이의 항원 결합 단편과 경쟁하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 103-443으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는 항체 또는 이의 항원 결합 단편과 경쟁하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공한다.
- [0042] 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 본원에 제공된 중쇄와 본원에 제공된 경쇄를 포함하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 본원에 제공된 중쇄 가변 도메인과 본원

에 제공된 경쇄 가변 영역을 포함하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 중쇄 가변 도메인과 경쇄 가변 도메인의 특정 조합을 포함하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공한다. 예를 들어, 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 표 1에서 선택된 중쇄 가변 도메인과 경쇄 가변 도메인의 조합을 포함한다.

[표 1]

16E10 변이체 중쇄 가변 영역과 경쇄 가변 영역의 조합

경쇄 가변 영역	중쇄 가변 영역	설명
16E10_VL (SEQ ID NO: 428)	16E10_VH (SEQ ID NO: 421)	부모 경쇄 가변 영역; 부모 중쇄 가변 영역
16E10_VL_1 (SEQ ID NO: 429)	16E10_VH_1 (SEQ ID NO: 422)	보존적으로 인간화된 경쇄 가변 영역; 보존적으로 인간화된 중쇄 가변 영역
16E10_VL_2 (SEQ ID NO: 430)	16E10_VH_2 (SEQ ID NO: 423)	인간화된 경쇄 가변 영역; 인간화된 중쇄 가변 영역
16E10_VL_3 (SEQ ID NO: 431)	16E10_VH_1 (SEQ ID NO: 422)	탈면역화된 보존적으로 인간화된 경쇄 가변 영역; 보존적으로 인간화된 중쇄 가변 영역
16E10_VL_4 (SEQ ID NO: 432)	16E10_VH_2 (SEQ ID NO: 423)	탈면역화된 인간화된 경쇄 가변 영역; 인간화된 중쇄 가변 영역
16E10_VL_1 (SEQ ID NO: 429)	16E10_VH_3 (SEQ ID NO: 424)	보존적으로 인간화된 경쇄 가변 영역; 탈면역화된 보존적으로 인간화된 중쇄 가변 영역
16E10_VL_2 (SEQ ID NO: 430)	16E10_VH_4 (SEQ ID NO: 425)	인간화된 경쇄 가변 영역; 탈면역화된 인간화된 중쇄 가변 영역
16E10_VL_3 (SEQ ID NO: 431)	16E10_VH_3 (SEQ ID NO: 424)	탈면역화된 보존적으로 인간화된 경쇄 가변 영역; 탈면역화된 보존적으로 인간화된 중쇄 가변 영역
16E10_VL_4 (SEQ ID NO: 432)	16E10_VH_4 (SEQ ID NO: 425)	탈면역화된 인간화된 경쇄 가변 영역; 탈면역화된 인간화된 중쇄 가변 영역
16E10_VL_5 (SEQ ID NO: 433)	16E10_VH_3 (SEQ ID NO: 424)	위험이 없는 탈면역화된 보존적으로 인간화된 경쇄 가변 영역; 탈면역화된 보존적으로 인간화된 중쇄 가변 영역
16E10_VL_6 (SEQ ID NO: 434)	16E10_VH_4 (SEQ ID NO: 425)	위험이 없는 탈면역화된 인간화된 경쇄 가변 영역; 탈면역화된 인간화된 중쇄 가변 영역
16E10_VL_3 (SEQ ID NO: 431)	16E10_VH_5 (SEQ ID NO: 426)	탈면역화된 보존적으로 인간화된 경쇄 가변 영역; 위험이 없는 탈면역화된 보존적으로 인간화된 중쇄 가변 영역
16E10_VL_4 (SEQ ID NO: 432)	16E10_VH_6 (SEQ ID NO: 427)	탈면역화된 인간화된 경쇄 가변 영역; 위험이 없는 탈면역화 인간화 중쇄 가변 영역
16E10_VL_5 (SEQ ID NO: 433)	16E10_VH_5 (SEQ ID NO: 426)	위험이 없는 탈면역화된 보존적으로 인간화된 경쇄 가변 영역; 위험이 없는 탈면역화된 보존적으로 인간화된 중쇄 가변 영역
16E10_VL_6 (SEQ ID NO: 434)	16E10_VH_6 (SEQ ID NO: 427)	위험이 없는 탈면역화 인간화 경쇄 가변 영역; 위험이 없는 탈면역화 인간화 중쇄 가변 영역

일부 실시형태에서, 본 개시내용은 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편에 비해 1 내지 30개(예를 들어, 1, 2, 3, 4, 5, 10 또는 그 이상)의 추가, 결실 또는 치환을 포함하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공하며, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체는 SEQ ID NO: 103-158, 413, 414 및 421-434로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하며, 예를 들어 항체 또는 단편은 $\alpha 11\beta 1$ 에 선택적으로 결합한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편에 비해 1 내지 30개의 추가, 결실 또는 치환을 포함하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공하며, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체는 SEQ ID NO: 103-114, 413, 414 및 421-434로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하며, 예를 들어 항체 또는 단편은 $\alpha 11\beta 1$ 에 선택적으로 결합한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 103-158, 413, 414 및 421-434로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공하고, 예를 들어 항체 또는 단편은 $\alpha 11\beta 1$ 에 선택적으로 결합한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 103-114, 413, 414 및 421-434로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공하고, 예를 들어 항체 또는 단편은 $\alpha 11\beta 1$ 에 선택적으로 결합한다.

일부 실시형태에서, 본 개시내용은 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편에 비해 1 내지 90개(예를 들어, 1 내지 50, 예를 들어, 적어도 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 또는 그 이상)의 추가, 결실 또는 치환을 포함하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공하며, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편은 SEQ ID NO: 159-206 및 415-420으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하며, 예를 들어 항체 또는 단편은 $\alpha 11\beta 1$ 에 선택적으로 결합한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 159-206 및

415-420으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 제공하고, 예를 들어 항체 또는 단편은 $\alpha 11\beta 1$ 에 선택적으로 결합한다.

[0047]

일부 실시형태에서, 본 개시내용은 $\alpha 11\beta 1$ 에 선택적으로 결합하는 항체 또는 이의 단편을 제공하며, 여기서 항체 또는 단편은 본원에 제공된 예시적인 서열 목록에 묘사된 하나 이상의 CDR 서열을 포함한다. 예를 들어, 일부 실시형태에서, 항체 또는 이의 단편은 SEQ ID NO: 103-114로부터의 하나 이상의 CDR을 포함한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 $\alpha 11\beta 1$ 에 선택적으로 결합하는 항체 또는 이의 단편을 제공하며, 여기서 항체 또는 단편은 SEQ ID NO: 103-114의 하나 이상의 CDR과 적어도 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 동일한 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 항체 또는 단편은 SEQ ID NO: 103-114 중 하나와 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고, 여기서 항체는 SEQ ID NO: 103-114중 하나에 기재된 하나 이상의 CDR을 포함한다. 예를 들어, 항체 또는 단편은 SEQ ID NO: 103과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고, 여기서 항체는 SEQ ID NO: 103에 나타난 하나 이상의 CDR(예를 들어, 1, 2 또는 3개의 CDR)을 포함한다.

[0048]

일부 실시형태에서, 본 개시내용은 $\alpha 11\beta 1$ 에 선택적으로 결합하는 항체 또는 이의 단편을 제공하며, 여기서 항체 또는 단편은 본원에 제공된 예시적인 서열 목록에 묘사된 하나 이상의 CDR 서열을 포함한다. 예를 들어, 일부 실시형태에서, 항체 또는 이의 단편은 SEQ ID NO: 103-207, 209, 211, 213, 216, 218, 220, 223, 225, 228, 233, 234, 236, 240, 241, 245, 247, 253, 255, 257, 259, 261, 265, 267, 269, 271, 275, 277, 279, 281, 283, 287, 289, 291, 293, 296, 300, 304, 306, 308, 310, 312, 314, 316, 318, 320, 322, 324, 325, 327, 329, 334, 336, 338, 340, 342, 344, 348, 351, 353, 355, 358, 360, 361, 364, 366, 368, 369, 374, 376, 377, 379, 380, 381, 383, 384, 385, 387, 389, 392, 393, 396, 398, 400, 402, 405, 408, 411, 또는 413-443 으로부터의 하나 이상의 CDR을 포함한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 $\alpha 11\beta 1$ 에 선택적으로 결합하는 항체 또는 이의 단편을 제공하며, 여기서 항체 또는 단편은 SEQ ID NO: 103-207, 209, 211, 213, 216, 218, 220, 223, 225, 228, 233, 234, 236, 240, 241, 245, 247, 253, 255, 257, 259, 261, 265, 267, 269, 271, 275, 277, 279, 281, 283, 287, 289, 291, 293, 296, 300, 304, 306, 308, 310, 312, 314, 316, 318, 320, 322, 324, 325, 327, 329, 334, 336, 338, 340, 342, 344, 348, 351, 353, 355, 358, 360, 361, 364, 366, 368, 369, 374, 376, 377, 379, 380, 381, 383, 384, 385, 387, 389, 392, 393, 396, 398, 400, 402, 405, 408, 411, 또는 413-443의 하나 이상의 CDR과 적어도 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 아미노산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 항체 또는 단편은 SEQ ID NO: 103-207, 209, 211, 213, 216, 218, 220, 223, 225, 228, 233, 234, 236, 240, 241, 245, 247, 253, 255, 257, 259, 261, 265, 267, 269, 271, 275, 277, 279, 281, 283, 287, 289, 291, 293, 296, 300, 304, 306, 308, 310, 312, 314, 316, 318, 320, 322, 324, 325, 327, 329, 334, 336, 338, 340, 342, 344, 348, 351, 353, 355, 358, 360, 361, 364, 366, 368, 369, 374, 376, 377, 379, 380, 381, 383, 384, 385, 387, 389, 392, 393, 396, 398, 400, 402, 405, 408, 411, 또는 413-443 중 하나와 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하며, 여기서 항체는 SEQ ID NO: 103-207, 209, 211, 213, 216, 218, 220, 223, 225, 228, 233, 234, 236, 240, 241, 245, 247, 253, 255, 257, 259, 261, 265, 267, 269, 271, 275, 277, 279, 281, 283, 287, 289, 291, 293, 296, 300, 304, 306, 308, 310, 312, 314, 316, 318, 320, 322, 324, 325, 327, 329, 334, 336, 338, 340, 342, 344, 348, 351, 353, 355, 358, 360, 361, 364, 366, 368, 369, 374, 376, 377, 379, 380, 381, 383, 384, 385, 387, 389, 392, 393, 396, 398, 400, 402, 405, 408, 411, 또는 413-443 중 하나에 기재된 하나 이상의 CDR을 포함한다. 예를 들어, 항체 또는 단편은 SEQ ID NO: 103과 적어도 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하고, 여기서 항체는 SEQ ID NO: 103에 나타난 하나 이상의 CDR(예를 들어, 1, 2 또는 3개의 CDR)을 포함한다.

[0049]

본 개시내용은 특히 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 항원 결합 단편의 제조 방법을 제공한다. 항체의 제조 방법은 당업계에 알려져 있다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 항체 또는 이의 항원 결합 단편의 발현에 적합한 조건 하에서 SEQ ID NO: 1-102로 이루어진 군으로부터 선택된 핵산 서열을 포함하는 핵산을 포함하는 숙주 세포를 배양하는 것을 포함하는 항체 또는 이의 항원-결합 단편을 생산하는 방법을 제공한다.

[0050]

예시적인 뉴클레오타이드 서열

[0051]

본 개시내용은 하나 이상의 중쇄, 중쇄 가변 도메인, 중쇄 프레임워크 영역, 중쇄 CDR, 중쇄 불변 도메인, 경쇄, 경쇄 가변 도메인, 경쇄 프레임워크 영역, 경쇄 CDR, 경쇄 불변 도메인, 또는 기타 면역글로불린 유사 서열, 항체, 또는 본원에 개시된 결합 분자를 코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 이러

한 뉴클레오티드 서열은 벡터에 존재할 수 있다. 일부 실시형태에서, 이러한 뉴클레오티드는 세포, 예를 들어, 치료를 필요로 하는 대상체의 세포 또는 항체 생산을 위한 세포, 예를 들어, 항체 생산을 위한 포유류 세포의 계층에 존재할 수 있다.

[0052] 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 103-206으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는, 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 코딩하는 핵산 서열을 포함하는 핵산을 제공한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 103-114로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는, 항체 또는 이의 항원 결합 단편을 코딩하는 핵산 서열을 포함하는 핵산을 제공한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 1-102로 이루어진 군으로부터 선택된 핵산 서열을 포함하는 핵산을 제공한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 1-102로 이루어진 군으로부터 선택된 핵산 서열을 포함하는 핵산을 포함하는 벡터를 제공한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 1-102로 이루어진 군으로부터 선택된 핵산 서열을 포함하는 숙주 세포를 제공한다. 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 1-102로 이루어진 군으로부터 선택된 핵산 서열을 포함하는 핵산을 포함하는 벡터를 제공한다.

[0053] 일부 실시형태에서, 본 개시내용은 SEQ ID NO: 1-102로 이루어진 군으로부터 선택된 핵산 서열과 적어도 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함하는 핵산을 제공한다.

[0054] 항체와 $\alpha 11\beta 1$ 의 상호작용 측정

[0055] $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 본원에 기술된 항체의 결합 특성은 당업계에 알려진 방법, 예를 들어 다음 방법 중 하나에 의해 측정될 수 있다: BIACORE 분석, 효소 연관 면역흡착 검정(ELISA), x-선 결정학, 서열 분석 및 스캐닝 돌연변이 유발. 항체와 $\alpha 11\beta 1$ 의 결합 상호작용은 표면 플라즈몬 공명(SPR)을 사용하여 분석될 수 있다. SPR 또는 생체분자 상호작용 분석(BIA)은 상호작용 물질을 표지하지 않고 실시간으로 바이오 특이적 상호작용을 검출한다. BIA 칩의 결합 표면(결합 이벤트를 나타냄)에서 질량의 변화는 표면 근처에서 빛의 굴절률의 변화를 초래한다. 굴절률의 변화는 생물학적 분자 사이의 실시간 반응의 표시로 측정되는 검출 가능한 신호를 생성한다. SPR을 사용하는 방법은 예를 들어 미국 특허 제5,641,640호; 문헌[Raether (1988) Surface Plasmons Springer Verlag]; 문헌[Sjolander and Urbaniczky (1991) Anal. Chem. 63:2338-2345]; 문헌[Szabo et al. (1995) Curr. Opin. Struct. Biol. 5:699-705] 및 BIAcore International AB(스웨덴 옘살라 소재)에서 제공하는 온라인 리소스에 기재되어 있다. 추가로, Sapidyn Instruments(Boise, Id.)로부터 입수 가능한 KinExA® (Kinetic Exclusion Assay) 검정도 사용할 수 있다.

[0056] SPR의 정보는 $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 항체 결합에 대한 평형 해리 상수(K_D) 및 동역학 파라미터(K_{on} 및 K_{off} 포함)의 정 확하고 정량적인 측정을 제공하는 데 사용될 수 있다. 이러한 데이터는 다른 분자를 비교하는 데 사용될 수 있다. SPR의 정보는 구조 활동 관계(SAR)를 개발하는 데에도 사용될 수 있다. 특정 결합 파라미터, 예를 들어 높은 친화도와 상관관계가 있는 소정의 위치의 변이체 아미노산을 확인할 수 있다.

[0057] 특정 실시형태에서, 본원에 기술된 항체는 $\alpha 11\beta 1$ 결합에 대해 높은 친화도를 나타낸다. 다양한 실시형태에서, $\alpha 11\beta 1$ 에 대해 본원에 기재된 바와 같은 항체의 K_D 는 약 10^{-4} , 10^{-5} , 10^{-6} , 10^{-7} , 10^{-8} , 10^{-9} , 10^{-10} , 10^{-11} , 10^{-12} , 10^{-13} , 10^{-14} , 또는 10^{-15} M 미만이다. 특정 경우, $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 본원에 기재된 바와 같은 항체의 K_D 는 0.001 내지 1 nM, 예를 들어, 0.001 nM, 0.005 nM, 0.01 nM, 0.05 nM, 0.1 nM, 0.5 nM, 또는 1 nM이다.

[0058] 치료 방법

[0059] 일부 실시형태에서 본원에 설명된 하나 이상의 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체는 본원에 설명된 하나 이상의 장애, 예를 들어 하나 이상의 섬유성 장애 및/또는 하나 이상의 암을 치료하는 방법에 사용된다. 일부 실시형태에서, 방법은 본원에 기술된 항체 또는 이의 항원 결합 단편의 치료적 유효량을 이를 필요로 하는 대상체에게 투여하는 것을 포함한다. 일부 실시형태에서, 섬유성 장애는 특발성 폐 섬유증(IPF), 만성 신장 질환, 당뇨병성 심근병증, 원발성 경화성 담관염(PSC), 원발성 담즙성 간경변증(PBC), 비알코올성 지방간 질환(NAFLD/NASH), 크론병, 궤양성 대장염 또는 전신성 경화증이거나 이를 포함한다.

[0060] 일부 실시형태에서, 섬유성 장애는 심방 섬유증, 심내막 섬유증, 관절 섬유증, 종격동 섬유증, 골수 섬유증, 진행성 거대 섬유증, 후복막 섬유증 또는 골격근 섬유증이거나 이를 포함한다.

- [0061] 일부 실시형태에서, 본원에 기술된 하나 이상의 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체는 다음 중 하나 이상과 같은 암 치료 방법에 사용된다: 두경부 편평 세포 암종, 췌관 선암종, 비소세포 폐암, 부신피질 암종, 급성 골수성 백혈병, 방광 요로상피암종, 침윤성 유방 암종, 자궁경부 편평 세포 암종, 담관암종, 결장직장 선암종, 미만성 거대 B 세포 림프종, 식도 선암종, 다형성 교모세포종, 간 간세포 암종, 폐 선암종, 폐 편평 세포 암종, 피부 흑색종, 중피종, 난소 장액성 낭선암종, 갈색세포종 및 부신경절종, 전립선 선암종, 육종, 위 선암종, 고환 생식 세포 종양, 흉선종, 갑상선 암종, 자궁체 자궁내막 암종, 자궁 암육종, 포도막 흑색종, 신장 투명 세포 암종, 신장 발색단 및 신장 유두 세포 암종.
- [0062] 일부 실시형태에서 본원에 설명된 하나 이상의 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체는 만성 신장 질환(CKD), 예를 들어 섬유증과 관련된 CKD를 갖거나 가질 위험이 있는 대상체를 치료하는 데 사용된다. CKD는 당업계에 알려져 있다(예를 들어, 문헌[Brenner, Barry M. (ed) Brenner & Rector's The Kidney, 11th edition 2019] 참조). CKD는 예를 들어 원발성 사구체 질환(IgA 신병증 및 국소 분절성 사구체 경화증을 포함하나 이에 제한되지 않음), 속발성 사구체 질환(루푸스 신염을 포함하나 이에 제한되지 않음), 혈전성 미세혈관병증, 세뇨관간질 질환(폐쇄성 요로병증을 포함하나 이에 제한되지 않음), 당뇨병성 신병증, 고혈압 신병증, 허혈성 신병증, CKD의 심신 증후군, 사구체의 유전성 장애(알포트 증후군을 포함하나 이에 제한되지 않음), 신장의 낭성 질환(다낭성 신장 질환을 포함하나 이에 제한되지 않음), 및 세뇨관의 유전성 장애를 포함한다(문헌[Brenner, Barry M. (ed) Brenner & Rector's The Kidney, 11th edition 2019]).
- [0063] 일부 실시형태에서, 본원에 설명된 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체는 대상체에게 투여 시 본원에 설명된 신장 관련 장애의 하나 이상의 마커, 징후 및/또는 증상을 감소시킨다. 신장 관련 질환의 마커, 징후 및/또는 증상에는 예를 들어 COL1A1, IL-6, TIMP-1, 히알루론산, TGF β , CTGF, PDGF 및 MMP9가 포함된다. 일부 실시형태에서, 대상체에게 투여시, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체는 대조군에 비해 측정된 마커, 징후 및/또는 증상을 적어도 약 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85% 또는 90% 감소시킬 수 있다(예를 들어, 항체 투여 전 대상체에서 측정된 마커, 징후 및/또는 증상의 수준, 신장 관련 장애를 앓고 있는 대상체에서 측정된 마커, 징후 및/또는 증상의 수준, 및/또는 신장 관련 장애를 앓고 있는 대상체 집단에서 측정된 마커, 징후 및/또는 증상의 평균 수준).
- [0064] 일부 실시형태에서, 본원에 기술된 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체는 신장 관련 장애 모델(예를 들어, 인간 정밀 절단 신장 절편(PCKS), ReninAAV Unx db/db 마우스 모델, 또는 5/6 Nephrectomy 모델)에서 측정 시 COL1A1, IL-6, TIMP-1, 히알루론산, TGF β , CTGF, PDGF, MMP9 또는 이들의 조합의 수준을 대조군에 비해 적어도 약 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85% 또는 90% 감소시킨다. 일부 실시형태에서, 신장 관련 장애의 마커, 징후 및/또는 증상은 단백질 수준, RNA 수준, DNA 수준 또는 이들의 조합을 측정함으로써 결정될 수 있다. 일부 실시형태에서, 신장 관련 장애의 마커, 징후 및/또는 증상은 ELISA, PCR, RNAseq, 생화학적 검정(예를 들어, 세포 과정(예를 들어, 아포토시스, 세포 신호) 또는 대사 반응을 검출하고 정량화하기 위한 분석 절차), 세포학, 면역조직화학 또는 이들의 조합을 사용하여 결정될 수 있다.
- [0065] 일부 실시형태에서, 신장 관련 장애의 마커, 징후 및/또는 증상은 대상체로부터의 생물학적 샘플을 시험함으로써 결정될 수 있다. 적합한 생물학적 샘플의 예에는 혈청, 혈장, 뇌척수액, 소변, 순환 혈액 세포(예를 들어, 말초 혈액 단핵 세포) 및 생검 시편이 포함되나 이에 제한되지 않는다. 일부 실시형태에서, 샘플은 세포 또는 조직을 포함한다. 일부 실시형태에서, 제공된 방법은 세포를 용해하거나 조직 생검을 수행하는 단계를 추가로 포함하고 하나 이상의 마커는 하나 이상의 세포내 마커를 포함한다. 본 개시내용에 적합한 생물학적 샘플은 대상체로부터 수집된 신선 또는 냉동 샘플, 또는 알려진 진단, 치료 및/또는 결과 이력이 있는 보관 샘플일 수 있다. 생물학적 샘플은 임의의 침습적 또는 비침습적 수단, 예를 들어 대상체로부터 CSF 또는 혈액을 채취하거나 미세 바늘 흡인 또는 바늘 생검을 사용하거나 외과적 생검을 통해 수집할 수 있다. 일부 실시형태에서, 생물학적 샘플은 샘플의 제한된 처리 없이 또는 제한된 처리와 함께 사용될 수 있다.
- [0066] **조합 요법**
- [0067] 일부 실시형태에서, 본원에 기술된 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체는 화학요법제 또는 종양용해 치료제와 같은 하나 이상의 추가 치료제와 조합으로 투여된다. 본원에서 사용되는 "조합 요법"은 2개 이상의 상이한 약제가 중첩 레지미언으로 투여되어 대상체가 두 약제에 동시에 노출되는 상황을 지칭한다. 조합 요법에 사용되는 경우 두 가지 이상의 다른 약제를 동시에 또는 별도로 투여할 수 있다. 조합 투여는 동일한 투여 형태의 2개 이상의 제제의 동시 투여, 개별 투여 형태의 동시 투여 및 개별 투여를 포함할 수 있다. 즉, 2개 이상의 제제를 동일한 투여 형태로

함께 제형화되고 동시에 투여될 수 있다. 대안적으로, 2개 이상의 제제가 동시에 투여될 수 있으며, 여기서 제제는 별도의 제형으로 존재한다. 또 다른 대안에서, 제1 제제를 투여한 후 하나 이상의 추가 제제를 투여할 수 있다. 별도의 투여 프로토콜에서, 2개 이상의 제제는 몇 분 간격으로, 또는 몇 시간 간격으로, 또는 며칠 간격으로 투여될 수 있다.

[0068] 본원에서 사용되는 용어 "화학요법제" 또는 "종양용해 치료제"(예를 들어, 항암 약물, 예를 들어, 항암 요법, 예를 들어, 면역 세포 요법)는 하나 이상의 아폽토시스 유도제, 세포증식억제제 및/또는 세포독성제, 및/또는 호르몬제를 지칭하는 당업계에서 이해되는 의미를 갖고, 예를 들어, 특히 바람직하지 않은 세포 증식과 관련된 하나 이상의 질환, 장애 또는 병태를 치료하는 데 사용되는 그리고/또는 사용이 권장되는 제제를 포함한다. 일부 실시형태에서, 화학요법제 및/또는 종양용해 치료제는 하기이거나 하기를 포함할 수 있다: 백금 화합물(예를 들어, 시스플라틴, 카르보플라틴 및 옥살리플라틴), 알킬화제(예를 들어, 사이클로포스파미드, 이포스파미드, 클로람부실, 질소 머스타드, 티오테파, 멜팔란, 부술판, 프로카르바진, 스트렙토조신, 테모졸로미드, 다카르바진 및 벤다무스틴), 항종양 항생제(예를 들어, 다우노루비신, 독소루비신, 이다루비신, 에피루비신, 미톡산트론, 블레오마이신, 마이토마이신 C, 플리카마이신 및 닥티노마이신), 타산(예를 들어, 파클리탁셀 및 도세탁셀), 항대사제(예를 들어, 5-플루오로우라실, 시타라빈, 프레메트렉세드, 티오구아닌, 플록수리딘, 카페시타빈 및 메토트렉세이트), 뉴클레오시드 유사체(예를 들어, 플루다라빈, 클로파라빈, 클라드리빈, 펜토스타틴 및 벨라라빈), 토포이소머라제 억제제(예를 들어, 토포테칸 및 이리노테칸), 저메틸화제(예를 들어, 아자시티딘 및 데시타빈), 프로테오좀 억제제(예를 들어, 보르테조미드), 에피포도필로톡신(예를 들어, 에토포사이드 및 테니포사이드), DNA 합성 억제제(예를 들어, 하이드록시우레아), 빈카 알칼로이드(예를 들어, 비크리스틴, 빈데신, 비노렐빈 및 빈블라스틴), 티로신 키나제 억제제(예를 들어, 이마티닙, 다사티닙, 닐로티닙, 소라페닙 및 수니티닙), 니트로소우레아(예를 들어, 카르무스틴, 포테무스틴 및 로무스틴), 핵사메틸렐라민, 미토탄, 혈관신생 억제제(예를 들어, 탈리도마이드 및 레날리도마이드), 스테로이드(예를 들어, 프레드니손, 텍사메타손 및 프레드니솔론), 호르몬 제제(예를 들어, 타목시펜, 랄록시펜, 류프로라이드, 비칼루아트미드, 그라니세트론 및 플루타미드), 아로마타제 억제제(예를 들어, 레트로졸 및 아나스트로졸), 삼산화비소, 트레티노인, 비선택적 사이클로옥시게나제 억제제(예를 들어, 비스테로이드성 항염증제, 살리실레이트, 아스피린, 피록시캄, 이부프로펜, 인도메타신, 나프로신, 디클로페낙, 톨메틴, 케토프로펜, 나부메톤 및 옥사프로진), 선택적 사이클로옥시게나제-2(COX-2) 억제제, 또는 이들의 조합.

[0069] 특정 실시형태에서, 항암 치료를 위한 화학요법제 및/또는 종양용해 치료제는 하기를 포함한다: 생물학적 제제, 예컨대 종양 침윤 림프구, CAR T 세포, 항체, 항원, 치료 백신(예를 들어, 환자 자신의 종양 세포 또는 특정 종양에 의해 생성되는 항원과 같은 기타 물질로 만들어짐), 면역 조절제(예를 들어, 사이토카인, 예를 들어 면역 조절 약물 또는 생물학적 반응 조절제), 체크포인트 억제제 또는 기타 면역 제제. 특정 실시형태에서, 면역제에는 면역글로빈, 면역자극제(예를 들어, 박테리아 백신, 콜로니 자극 인자, 인터페론, 인터루킨, 치료 백신, 백신 배합물, 바이러스 백신) 및/또는 면역억제제(예를 들어, 칼시뉴린 억제제, 인터루킨 억제제, TNF 알파 억제제)가 포함된다. 특정 실시형태에서, 호르몬제는 항안드로겐 요법용 제제(예를 들어, 케토코나졸, 아비라테론, TAK-700, TOK-001, 비칼루타미드, 닐루타미드, 플루타미드, 엔잘루타미드, ARN-509)를 포함한다.

[0070] 추가적인 화학요법제 및/또는 종양용해 치료제에는 다음이 포함된다: 면역 체크포인트 치료제(예를 들어, 펌브롤리주맙, 니볼루맙, 이필리무맙, 아테졸리주맙, 아벨루맙, 더발루맙, 트레멜리무맙 또는 세미플리무맙), 다른 단일클론 항체(예를 들어, 리툭시맙, 세특시맙, 파네투무맙, 토시투모맙, 트라스투주맙, 알렘투주맙, 겐투주맙 오조가미신, 베바시주맙, 카투막소맙, 데노수맙, 오비누투주맙, 오파투무맙, 라무시루맙, 페르투주맙, 니모투주맙, 람브롤리주맙, 피딜리주맙, 실특시맙, BMS-936559, RG7446/MPDL3280A, MEDI4736), 항체-약물 접합체(예를 들어, 브렌독시맙 베도틴(ADCETRIS®, Seattle Genetics); 아도-트라스투주맙 엠탄신(KADCYLA®, Roche); 겐투주맙 오조가미신(Wyeth); CMC-544; SAR3419; CDX-011; PSMA-ADC; BT-062; 및 IMGN901(예를 들어, 문헌[Sassoon et al., Methods Mol. Biol. 1045:1-27 (2013)]; 문헌[Bouchard et al., Bioorganic Med. Chem. Lett. 24: 5357-5363 (2014)] 참조), 또는 이들의 임의의 조합.

[0071] 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체와 추가 치료제의 조합 투여는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 추가 치료제 단독에 의해 생성된 것보다 더 큰 정도로 암을 개선시킨다. 조합 효과와 각 제제 단독 효과의 차이는 통계적으로 유의미한 차이가 될 수 있다. 일부 실시형태에서, 조합된 효과는 시너지 효과일 수 있다. 일부 실시형태에서, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체와 추가 치료제의 조합 투여는 표준 투약 레지먼, 예를 들어, 추가 치료제에 대해 승인된 투약 레지먼과 비교하여 감소된 용량, 감소된 횟수 및/또는 감소된 투여 빈도로 추가 치료제의 투여를 가능하게 한다.

[0072] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 치료 방법은 의학적 병태의 다른 치료가 실패했거나 다른 수단을 통한 치료

에서 덜 성공적이었던 대상체에서 수행된다. 추가로, 본원에 기재된 치료 방법은 의학적 병태의 하나 이상의 추가 치료와 함께 수행될 수 있다. 예를 들어, 방법은 본원에 설명된 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 또는 이의 조성물의 투여 이전에, 실질적으로 동시에 또는 이후에 암 레지던, 예를 들어 비글수역제 화학요법, 수술, 호르몬 요법 및/또는 방사선을 투여하는 것을 포함할 수 있다.

[0073] 제형 및 투여

[0074] 다양한 실시형태에서, 본원에 기재된 항체는 약학 조성물에 혼입될 수 있다. 이러한 약학 조성물은 예를 들어 질환, 예를 들어 섬유성 장애의 예방 및/또는 치료에 유용할 수 있다. 약학 조성물은 당업자에게 알려진 방법에 의해 제형화될 수 있다(문헌 [Remington's Pharmaceutical Sciences, 17th edition, ed. Alfonso R. Gennaro, Mack Publishing Company, Easton, Pa. (1985)]에 기술된 것과 같음).

[0075] 일부 실시형태에서, 약학 조성물은 약학적으로 허용되는 담체 또는 부형제를 포함하도록 제형화될 수 있다. 약학적으로 허용되는 담체의 예에는 생리학적으로 적합한 모든 용매, 분산 매질, 코팅제, 항균제 및 항진균제, 등장제 및 흡수 지연제 등이 포함되나 이에 제한되지 않는다. 본 발명의 조성물은 약학적으로 허용되는 염, 예를 들어 산 부가 염 또는 염기 부가 염을 포함할 수 있다.

[0076] 일부 실시형태에서, 본원에 기술된 바와 같은 항체를 포함하는 조성물, 예를 들어 멸균 주사용 제형은 비히클로서 주사용 증류수를 사용하는 통상적인 약학적 관행에 따라 제형화될 수 있다. 예를 들어, 글루코오스 및 다른 보충물, 예컨대 D-소르비톨, D-만노오스, D-만니톨, 및 염화나트륨을 함유하는 등장성 용액 또는 생리 식염수가, 선택적으로 적합한 가용화제, 예를 들어 알코올, 예컨대 에탄올 및/또는 폴리알코올, 예컨대 프로필렌 글리콜 또는 폴리에틸렌 글리콜, 및/또는 비이온성 계면활성제, 예컨대 Polysorbate 80™ 또는 HCO-50과 조합하여, 주사용 수용액으로서 사용될 수 있다.

[0077] 본원에 개시된 바와 같이, 약학 조성물은 당업계에 알려진 임의의 형태일 수 있다. 이러한 형태는 예를 들어 액체 용액(예를 들어, 주사 및 주입 용액), 분산액 또는 현탁액, 정제, 알약, 분말, 리포솜 및 좌약과 같은 액체, 반고체 및 고체 투여 형태를 포함한다.

[0078] 임의의 특정 형태의 선택 또는 사용은 의도된 투여 방식 및 치료적 적용에 부분적으로 의존할 수 있다. 예를 들어, 전신 전달 또는 국소 전달을 위한 조성물을 함유하는 조성물은 주사가능 또는 주입가능 용액의 형태일 수 있다. 따라서, 조성물은 비경구 방식(예를 들어, 정맥내, 피하, 복강내 또는 근육내 주사)에 의한 투여를 위해 제형화될 수 있다. 본원에서 사용되는 비경구 투여는 일반적으로 주사에 의한 경장 및 국소 투여 이외의 투여 방식을 지칭하고, 비제한적으로, 정맥내, 비강내, 안구내, 폐, 근육내, 동맥내, 척수강내, 낭내, 안와내, 심장내, 피내, 폐내, 복강내, 기관내, 피하, 피하, 관절내, 낭하, 지주막하, 척수내, 경막외, 뇌내, 두개내, 경동맥 및 흉골내 주사 및 주입을 포함한다. 일부 실시형태에서, 조성물은 신장을 표적으로 할 수 있다. 일부 실시형태에서, 조성물은 신장 세포를 표적으로 할 수 있다.

[0079] 투여 경로는 비경구 투여, 예를 들어 주사 투여, 경비 투여, 경폐 투여 또는 경피 투여일 수 있다. 투여는 정맥내 주사, 근육내 주사, 복강내 주사 또는 피하 주사에 의해 전신적 또는 국소적일 수 있다. 일부 실시형태에서, 투여 경로는 투석이거나 투석을 포함한다. 일부 실시형태에서, 투여 경로는 혈액투석이거나 혈액투석을 포함한다. 일부 실시형태에서, 투여 경로는 복막 투석이거나 복막 투석을 포함한다.

[0080] 일부 실시형태에서, 본 발명의 약학 조성물은 용액, 마이크로에멀전, 분산액, 리포솜, 또는 고농도에서 안정한 저장에 적합한 다른 정돈된 구조로 제형화될 수 있다. 멸균 주사액은 필요에 따라 상기 열거된 성분 중 하나 또는 조합과 함께 적절한 용매에 필요한 양으로 본원에 기술된 조성물을 혼입한 다음 필터 멸균하여 제조될 수 있다. 일반적으로, 분산액은 기본 분산 매질 및 상기 열거된 것들로부터 필요한 다른 성분을 함유하는 멸균 비히클에 본원에 기술된 조성물을 혼입함으로써 제조된다. 멸균 주사 용액의 제조를 위한 멸균 분말의 경우, 제조 방법은 진공 건조 및 동결 건조를 포함하여 이전에 멸균 여과된 용액으로부터 본원에 기술된 조성물의 분말과 임의의 추가의 원하는 성분(하기 참조)을 생성한다. 용액의 적절한 유동성은 예를 들어 레시틴과 같은 코팅의 사용, 분산의 경우 필요한 입자 크기의 유지 및 계면활성제의 사용에 의해 유지될 수 있다. 주사용 조성물의 장기적인 흡수는 흡수를 지연시키는 시약, 예를 들어 모노스테아레이트 염 및 젤라틴을 조성물에 포함시킴으로써 야기될 수 있다.

[0081] 약학 조성물은 물 또는 다른 약학적으로 허용되는 액체 중 멸균 용액 또는 현탁액을 포함하는 주사가능한 제형의 형태로 비경구 투여될 수 있다. 예를 들어, 약학 조성물은 치료 분자를 약학적으로 허용되는 비히클 또는 매질, 예컨대 멸균수 및 생리 식염수, 식물성 오일, 유화제, 현탁화제, 계면활성제, 안정제, 향미부여 부형제,

희석제, 비히클, 보존제, 결합제와 적합하게 배합한 후, 일반적으로 허용되는 약학적 실무에서 필요로 하는 단위 용량 형태로 혼합함으로써 제형화될 수 있다. 약학 제제 내에 포함되는 활성 성분의 양은 지정된 범위 내의 적합한 용량이 제공되도록 하는 양이다. 유성 액체의 비제한적인 예에는 참깨유 및 대두유가 포함되며, 이것은 가용화제로서의 벤질 벤조에이트 또는 벤질 알코올과 조합될 수 있다. 포함될 수 있는 다른 품목은 완충제, 예컨대 인산염 완충제, 또는 아세트산나트륨 완충제, 진정제(soothing agent), 예컨대 프로카인 하이드로클로라이드, 안정제, 예컨대 벤질 알코올 또는 페놀, 및 산화방지제이다. 제형화된 주사액은 적합한 앰플로 패키징될 수 있다.

[0082] 다양한 실시형태에서, 피하 투여는 장치, 예컨대 주사기, 미리 채워진 주사기, 자동 주사기(예를 들어, 일회용 또는 재사용 가능), 펜 주사기, 패치 주사기, 작용형 주사기, 피하 주입 세트가 있는 이동식 주사기 주입 펌프 또는 피하 주사용 항체 약물과 조합하기 위한 기타 장치에 의해 달성될 수 있다.

[0083] 본 개시내용의 주입 시스템은 미국 특허 제5,308,341호에 기재된 바와 같은 전달 펜을 사용할 수 있다. 당뇨병 환자에게 인슐린을 자가 전달하기 위해 가장 일반적으로 사용되는 펜 장치는 당업계에서 잘 알려져 있다. 이러한 장치는 적어도 하나의 주사 바늘(예를 들어, 길이가 약 5 내지 8 mm인 31 게이지 바늘)을 포함할 수 있고, 일반적으로 치료 용액의 하나 이상의 치료 단위 용량으로 미리 채워져 있고, 가능한 한 적은 통증으로 대상체에게 용액을 신속하게 전달하는 데 유용하다. 하나의 약물 전달 펜은 치료제 또는 다른 약물의 바이알이 수용될 수 있는 바이알 홀더를 포함한다. 펜은 완전히 기계적인 장치이거나 전자 회로와 결합되어 사용자에게 주입되는 약물의 투여량을 정확하게 설정 및/또는 표시할 수 있다. 예를 들어, 미국 특허 제6,192,891호를 참조한다. 일부 실시형태에서, 펜 장치의 바늘은 일회용이고 키트는 하나 이상의 일회용 대체 바늘을 포함한다. 본 특징 조성물 중 임의의 하나의 전달에 적합한 펜 장치는 또한 예를 들어 미국 특허 제6,277,099호; 제6,200,296호; 및 제6,146,361호에 기재되어 있으며, 이들 각각의 개시내용은 그 전체가 본원에 원용되어 포함된다. 미세바늘 기반 펜 장치는 예를 들어 미국 특허 제7,556,615호에 기재되어 있으며, 이의 개시내용은 그 전체가 본원에 원용되어 포함된다. Scandinavian Health Ltd에서 제조한 정밀 펜 주입기(PPI) 장치 MOLLY™도 참조한다.

[0084] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 조성물은 국소 투여에 의해 대상체에게 치료적으로 전달될 수 있다. 본원에서 사용되는 "국소 투여" 또는 "국소 전달"은 혈관계를 통해 의도된 표적 조직 또는 부위로 조성물 또는 제제의 수송에 의존하지 않는 전달을 지칭할 수 있다. 예를 들어, 조성물은 조성물 또는 제제의 주사 또는 이식에 의해 또는 조성물 또는 제제를 함유하는 장치의 주사 또는 이식에 의해 전달될 수 있다. 특정 실시형태에서, 표적 조직 또는 부위 부근에서의 국소 투여 후, 조성물 또는 제제, 또는 이의 하나 이상의 성분은 투여 부위가 아닌 의도된 표적 조직 또는 부위로 확산될 수 있다.

[0085] 일부 실시형태에서, 조성물은 0℃ 미만의 온도(예를 들어, -20℃ 또는 -80℃)에서 보관하기 위해 제형화될 수 있다. 일부 실시형태에서, 조성물은 2 내지 8℃(예를 들어, 4℃)에서 최대 2년(예를 들어, 1개월, 2개월, 3개월, 4개월, 5개월, 6개월, 7개월, 8개월, 9개월, 10개월, 11개월, 1년, 11/2년 또는 2년) 동안 저장을 위해 제형화될 수 있다. 따라서, 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 조성물은 2 내지 8℃(예를 들어, 4℃)에서 적어도 1년 동안 저장시 안정하다.

[0086] 일부 실시형태에서, 약학 조성물은 용액으로 제형화될 수 있다. 일부 실시형태에서, 조성물은 예를 들어 2 내지 8℃(예를 들어, 4℃)에서 저장하기에 적합한 농도의 완충 용액으로서 제형화될 수 있다.

[0087] 본원에 기재된 하나 이상의 항체를 포함하는 조성물은 면역리포좀 조성물로 제형화될 수 있다. 이러한 제형은 당업계에 공지된 방법에 의해 제조될 수 있다. 향상된 순환 시간을 갖는 리포좀은 예를 들어 미국 특허 제 5,013,556호에 개시되어 있다.

[0088] 특정 실시형태에서, 조성물은 이식물 및 마이크로캡슐화 전달 시스템을 포함하는 제어 방출 제형과 같은, 빠른 방출에 대해 화합물을 보호할 담체와 함께 제형화될 수 있다. 생분해성 생체적합성 중합체, 예를 들어 에틸렌 비닐 아세테이트, 폴리무수물, 폴리글리콜산, 폴라젠, 폴리오르토에스테르 및 폴리락트산이 사용될 수 있다. 이러한 제형의 제조를 위한 많은 방법이 당업계에 알려져 있다. 예를 들어, 문헌[J. R. Robinson (1978) "Sustained and Controlled Release Drug Delivery Systems," Marcel Dekker, Inc., New York] 참조.

[0089] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 바와 같은 항체의 투여는 항체를 코딩하는 핵산을 대상체에게 투여함으로써 달성된다. 본원에 기재된 치료용 항체를 코딩하는 핵산은 세포 내에서 항체를 발현하고 생산하는 데 사용될 수 있는 핵산을 전달하기 위해 유전자 치료 프로토콜의 일부로 사용되는 유전자 작제물에 혼입될 수 있다. 이러한 성분의 발현 작제물은 임의의 치료학적으로 효과적인 담체로 예를 들어 성분 유전자를 생체내 세포에 효과적으

로 전달할 수 있는 임의의 제형 또는 조성물로 투여될 수 있다. 접근법에는 재조합 레트로바이러스, 아데노바이러스, 아데노 관련 바이러스, 렌티바이러스 및 단순 헤르페스 바이러스-1(HSV-1) 또는 재조합 박테리아 또는 진핵 플라스미드를 포함하는 바이러스 벡터에 대상체 유전자를 삽입하는 것이 포함된다. 바이러스 벡터는 세포를 직접 형질 감염시킬 수 있다; 플라스미드 DNA는 예를 들어 양이온성 리포좀(리포펙틴) 또는 유도체화된 폴리 라이신 접합체, 그라미시딘 S, 인공 바이러스 외피 또는 기타 이러한 세포내 담체의 도움으로 전달될 수 있으며, 유전자 작제물의 직접 주입 또는 CaPO_4 침전을 통해 전달될 수 있다(예를 들어, 국제공개 W004/060407 호 참조). 적합한 레트로바이러스의 예는 당업자에게 알려진 pLJ, pZIP, pWE 및 pEM을 포함한다(예를 들어, 문헌[Eglitis et al. (1985) Science 230:1395-1398]; 문헌[Danos and Mulligan (1988) Proc Natl Acad Sci USA 85:6460-6464]; 문헌[Wilson et al. (1988) Proc Natl Acad Sci USA 85:3014-3018]; 문헌[Armentano et al. (1990) Proc Natl Acad Sci USA 87:6141-6145]; 문헌[Huber et al. (1991) Proc Natl Acad Sci USA 88:8039-8043]; 문헌[Ferry et al. (1991) Proc Natl Acad Sci USA 88:8377-8381]; 문헌[Chowdhury et al. (1991) Science 254:1802-1805]; 문헌[van Beusechem et al. (1992) Proc Natl Acad Sci USA 89:7640-7644]; 문헌[Kay et al. (1992) Human Gene Therapy 3:641-647]; 문헌[Dai et al. (1992) Proc Natl Acad Sci USA 89:10892-10895]; 문헌[Hwu et al. (1993) J Immunol 150:4104-4115]; 미국 특허 제4,868,116호 및 제 4,980,286호; 및 PCT 국제공개 W089/07136호, W089/02468호, W089/05345호, 및 W092/07573호 참조). 또 다른 바이러스 유전자 전달 시스템은 아데노바이러스 유래 벡터를 활용한다(예를 들어, 문헌[Berkner et al. (1988) BioTechniques 6:616]; 문헌[Rosenfeld et al. (1991) Science 252:431-434]; 및 문헌[Rosenfeld et al. (1992) Cell 68:143-155] 참조). 아데노바이러스 균주 Ad 유형 5 dl324 또는 아데노바이러스의 다른 균주(예를 들어, Ad2, Ad3, Ad7 등)로부터 유도된 적합한 아데노바이러스 벡터는 당업자에게 알려져 있다. 대상체 유전자의 전달에 유용한 또 다른 바이러스 벡터 시스템은 아데노 관련 바이러스(AAV)이다. 예를 들어, 문헌[Flotte et al. (1992) Am J Respir Cell Mol Biol 7:349-356]; 문헌[Samulski et al. (1989) J Virol 63:3822-3828]; 및 문헌[McLaughlin et al. (1989) J Virol 62:1963-1973] 참조.

[0090] 일부 실시형태에서, 본원에 제공된 조성물은 단위 투여 형태로 존재하며, 이 단위 투여 형태는 자가 투여에 적합할 수 있다. 이러한 단위 투여 형태는 용기, 전형적으로 예를 들어 바이알, 카트리지, 사전충진된 주사기 또는 일회용 펜 내에 제공될 수 있다. 미국 특허 제6,302,855호에 기재된 투여기 장치(doser device)와 같은 투여기는 예를 들어 본원에 기재된 주입 시스템과 함께 사용될 수도 있다.

[0091] 대상체의 장애를 치료하거나 예방할 수 있는 본원에 기재된 조성물의 적합한 용량은 예를 들어 연령, 성별, 치료 대상체의 체중 및 사용되는 특정 억제제 화합물을 포함하는 다양한 요인에 따라 달라질 수 있다. 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 항체를 포함하는 하나의 조성물의 상이한 용량은 그 항체의 상이한 제형의 용량과 비교하여 섬유성 장애를 갖는 대상체를 치료하는 데 필요할 수 있다. 대상체에게 투여되는 용량에 영향을 미치는 다른 요인에는 예를 들어 장애의 유형 또는 중증도가 포함된다. 다른 요인은 예를 들어 대상체에 동시에 또는 이전에 영향을 미친 다른 의학적 장애, 대상체의 일반적인 건강, 대상체의 유전적 소인, 식이, 투여 시간, 배설 속도, 약물 조합, 및 대상체에게 투여되는 임의의 다른 추가적인 치료제를 포함할 수 있다. 또한 임의의 특정 대상체에 대한 특정 투여량 및 치료 레지멘은 치료하는 의사의 판단에 따라 또한 조정될 수 있음을 이해해야 한다.

[0092] 본원에 기재된 조성물은 고정 용량으로 또는 킬로그램당 밀리그램(mg/kg) 용량으로 투여될 수 있다. 일부 실시 형태에서, 용량은 또한 조성물 내의 항원-결합 분자 중 하나 이상에 대한 항체 또는 다른 숙주 면역 반응의 생성을 감소시키거나 회피하도록 선택될 수 있다. 본원에 기재된 조성물과 같은 항체의 예시적인 투여량은 예를 들어 0.0001 내지 100 mg/kg, 0.01 내지 5 mg/kg, 1 내지 1000 mg/kg, 1 내지 100 mg/kg, 0.5 내지 50 mg/kg, 0.1 내지 100 mg/kg, 0.5 내지 25 mg/kg, 1 내지 20 mg/kg, 및 1 내지 10 mg/kg의 대상체 체중을 포함한다. 예를 들어 투여량은 0.1 mg/kg, 0.3 mg/kg, 0.5 mg/kg, 1.0 mg/kg, 2.0 mg/kg, 3.0 mg/kg, 4.0 mg/kg, 5.0 mg/kg, 10 mg/kg, 또는 20 mg/kg 체중, 또는 1 내지 20 mg/kg 체중 범위 내일 수 있다. 예시적인 치료 요법은 1주에 1회, 2주에 1회, 3주에 1회, 4주에 1회, 1개월에 1회, 3개월에 1회 또는 3 내지 6개월에 1회 투여, 또는 처음에는 짧은 투여 간격으로(예컨대 1주에 1회 내지 3주에 1회), 그리고 이후에는 연장된 간격으로(예컨대 1개월에 1회 내지 3 내지 6개월에 1회) 투여하는 것을 수반한다.

[0093] 약학 용액은 본원에 기술된 조성물의 치료적 유효량을 포함할 수 있다. 이러한 유효량은 부분적으로는 투여된 조성물의 효과, 또는 조성물과 하나 이상의 추가 활성제의 조합 효과(하나 초과액의 제제가 사용되는 경우)에 기초하여 당업자에 의해 용이하게 결정될 수 있다. 본원에 기술된 조성물의 치료적 유효량은 또한 다음과 같은 요인에 따라 달라질 수 있다: 개인의 질환 상태, 연령, 성별 및 체중, 및 개인에서 원하는 반응을 유도하는 조

성물(및 하나 이상의 추가 활성제)의 능력, 예를 들어, 적어도 하나의 병태 파라미터의 개선, 예를 들어, 섬유성 장애의 적어도 하나의 증상의 개선. 예를 들어, 본원에 기술된 조성물의 치료적 유효량은 특정 장애, 및/또는 당업계에 알려지거나 본원에 기술된 특정 장애의 증상 중 임의의 하나를 억제(그 중증도를 감소시키거나 발생을 제거) 및/또는 예방할 수 있다. 치료적 유효량은 또한 조성물의 임의의 독성 또는 해로운 효과가 치료적으로 유익한 효과보다 더 중요한 양이다.

[0094] 본원에 기재된 임의의 조성물의 적합한 인간 용량은 예를 들어 I상 용량 증량 연구에서 추가로 평가될 수 있다. 예를 들어, 문헌[van Gurp et al. (2008) Am J Transplantation 8(8):1711-1718]; 문헌[Hanouska et al. (2007) Clin Cancer Res 13(2, part 1):523-531]; 및 문헌[Hetherington et al. (2006) Antimicrobial Agents and Chemotherapy 50(10): 3499-3500] 참조.

[0095] 조성물의 독성 및 치료 효능은 세포 배양물 또는 실험 동물(예를 들어, 본원에 기재된 임의의 섬유성 장애의 동물 모델)에서 알려진 약학적 절차에 의해 결정될 수 있다. 이러한 절차는 예를 들어 LD₅₀(집단의 50%에 치명적인 용량) 및 ED₅₀(집단의 50%에서 치료적으로 효과적인 용량)을 결정하는 데 사용될 수 있다. 독성 효과와 치료 효과 사이의 용량 비는 치료 지수이며 LD₅₀/ED₅₀ 비로 표현될 수 있다. 높은 치료 지수를 나타내는 본원에 기재된 조성물이 바람직하다. 독성 부작용을 나타내는 조성물이 사용될 수 있지만, 영향을 받는 조직 부위에 이러한 화합물을 표적으로 하고 정상 세포에 대한 잠재적인 손상을 최소화하여 부작용을 감소시키는 전달 시스템을 설계하는 데 주의를 기울여야 한다.

[0096] 당업자는 세포 배양 검정 및 동물 연구로부터 얻은 데이터가 인간에게 사용하기 위한 투여량 범위를 공식화하는 데 사용될 수 있음을 이해할 것이다. 본원에 기재된 조성물의 적절한 투여량은 일반적으로 독성이 거의 또는 전혀 없는 ED₅₀을 포함하는 조성물의 순환 농도 범위 내에 있다. 투여량은 사용된 투여 형태 및 사용된 투여 경로에 따라 이 범위 내에서 변할 수 있다. 본원에 기술된 조성물의 경우, 치료 유효 용량은 초기에 세포 배양 검정으로부터 추정될 수 있다. 세포 배양에서 결정된 바와 같은 IC₅₀(즉, 증상의 절반-최대 억제를 달성하는 항체의 농도)을 포함하는 순환 혈장 농도 범위를 달성하기 위해, 동물 모델에서 용량이 조제될 수 있다. 이러한 정보는 인간의 유용한 용량을 보다 정확하게 결정하는 데 사용될 수 있다. 혈장 내 수준은 예를 들어 고성능 액체 크로마토그래피로 측정될 수 있다. 일부 실시형태에서, 예를 들어 국소 투여(예를 들어, 눈 또는 관절)가 요구되는 경우, 세포 배양 또는 동물 모델링을 사용하여 국소 부위 내에서 치료 유효 농도를 달성하는 데 필요한 용량을 결정할 수 있다.

[0097] 본원에 언급된 모든 간행물, 특허 출원, 특허, 및 다른 참고문헌은 그 전체가 인용되어 포함된다. 또한, 재료, 방법, 및 실시예는 단지 예시적인 것이며, 제한하고자 하는 것이 아니다. 달리 정의되지 않는 한, 본원에 사용되는 모든 기술 과학 용어는 당업자가 통상적으로 이해하는 것과 동일한 의미를 갖는다. 본원에서 기술되는 것과 유사하거나 동등한 방법 및 재료가 본 발명의 실시 또는 시험에 사용될 수 있지만, 바람직한 방법 및 재료가 본원에 기술된다.

[0098] 본 개시내용은 하기 실시예에 의해 추가로 예시된다. 실시예는 단지 예시적인 목적을 위해 제공된다. 이들은 어떠한 방식으로든 본 개시내용의 범주 또는 내용을 제한하는 것으로 해석되어서는 안 된다.

[0099] **실시예**

[0100] **방법**

[0101] ***α11β1에 대한 신규 항체의 생성***

[0102] 랫트 면역화

[0103] Wistar 랫트는 재조합 인간 α11β1 단백질로 면역화되었다. 효소 면역 분석법(ELISA)을 사용하여 표적 인간 및 마우스 단백질에 대한 면역 반응을 시험했다. 그 후, 양호한 면역 반응을 생성하는 동물과 함께 세포 융합(전기 융합에 의한)을 수행하였다. 모든 융합 세포를 96-웰 플레이트에 플레이팅하고 상청액을 가용성 인간 및 마우스 α11β1에 대해 ELISA로 스크리닝하였다. 양성 클론은 인간 α1β1, α2β1 및 α10β1에 대해 카운터-스크리닝되었다. 인간 및 마우스 α11β1에 특이적으로 결합하고 α1β1, α2β1 및 α10β1에는 결합하지 않는 클론을 선택하고, 서브클로닝하고, 확장하고, 동결보존하였다. 그런 다음 선택된 클론으로부터 정제된 항체를 생성하고 각각의 정제된 항체로부터 중쇄 및 경쇄 가변 도메인 서열을 획득하였다.

[0104] 토끼 면역화

- [0105] 토끼는 세포 기반 단일클론 항체 플랫폼을 사용하여 면역화되었다. 두 마리의 토끼는 재조합 인간 $\alpha 11\beta 1$ 단백질로 면역화되었다. $\beta 1$ 특이적 B 세포 클론의 수를 줄이기 위해 면역화된 토끼의 비장 세포를 분류하고 인간 $\beta 1$ 에 대해 선택했다. 그런 다음 분류된 비장 세포를 대략 1주 동안 배양하고 배양 상청액을 인간 $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 결합에 대해 스크리닝했다. 최고의 결과를 시퀀싱한 후 토끼 항체를 HEK 세포 시스템을 사용하여 재조합 방식으로 생산했다.
- [0106] 마우스 면역화
- [0107] 5가지 다른 변종의 마우스 10마리를 인간 $\alpha 11\beta 1$, 마우스 $\alpha 11\beta 1$ 및 내성 파괴 단백질의 적절한 혼합물로 면역화했다. 인간 및 마우스 $\alpha 11\beta 1$ 의 혼합물에 대해 ELISA로 혈장 역가를 평가하였다. 슬와, 사타구니 및 장골 림프절을 수집했다. ELISA-양성 항-인간/마우스 $\alpha 11\beta 1$ 하이브리도마를 확장하고 인간 및 마우스 $\alpha 11\beta 1$, 대조군 HIS 단백질에 대한 2차 스크리닝을 수행하고, 인간 $\alpha 11\beta 1$, $\alpha 2\beta 1$ 및 $\alpha 10\beta 1$ 에 대해 카운터-스크리닝을 수행하였다. 상청액 IgG 농도는 기능적 스크리닝에 충분했다. 모든 기준을 만족하는 선택된 하이브리도마를 클로닝하고 클로날 하이브리도마를 인간 및 마우스 $\alpha 11\beta 1$ 에 대해 ELISA로 확인한 후 규모를 확대하고 IgG를 정제하였다. 그 다음 선택된 하이브리도마의 중쇄 및 경쇄 가변 영역을 시퀀싱하였다.
- [0108] 파지 라이브러리 디스플레이
- [0109] 완전 인간 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체 생성을 위해 파지 라이브러리 디스플레이를 사용했다. 완전 인간 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체는 파지(파지 디스플레이 라이브러리)에 표시된 단일 사슬 단편 가변(scFv) 항원 결합 단편을 사용하여 발견되었다. 정제된 인간 및 마우스 $\alpha 11\beta 1$ 항원과 $\alpha 10\beta 1$ 에 대한 선택 해제에 대해 3라운드의 선택을 수행하여 $\alpha 11$ 서브유닛 특이적 항체를 풍부하게 했다. 이어서, 최적 집단을 박테리아 가용성 발현 벡터에 서브클로닝하고, 재조합 항체 발현을 유도하고, 상청액을 ELISA 검정을 통해 결합에 대해 스크리닝하였다. 적절한 결합 프로파일을 가진 항체를 시퀀싱한 후 scFv에서 IgG로 전환했다.
- [0110] **ELISA**
- [0111] 0.25 $\mu\text{g/mL}$ 의 표적 항원(재조합 인간 또는 마우스 $\alpha 11\beta 1$)을 4°C에서 밤새 96-웰 플레이트에 플레이팅했다. 플레이트를 실온에서 세척하고(0.1% Tween-20을 함유한 PBS), 1시간 동안 차단하고(2% BSA 및 0.05% Tween-20을 함유한 PBS) 실온에서 1시간 동안 일정 범위의 항체 농도로 인큐베이션하였다. 이어서, 플레이트를 세척하고 1:1000 희석 완충액에서 비오틴화된 항-토끼/마우스/인간 IgG와 함께 인큐베이션하고 실온에서 1시간 동안 인큐베이션하였다. 플레이트를 세척한 후, 스트렙타비딘 HRP를 희석 완충액에 1:200으로 첨가하고 실온에서 1시간 동안 인큐베이션했다. Ultra TMB ELISA 기질 용액을 첨가하고 플레이트를 플레이트 웨이커에서 5분 동안 인큐베이션했다. 정지 용액을 각 웰에 첨가하여 반응을 정지시키고 플레이트를 450 nm에서 판독하였다.
- [0112] **FACS**
- [0113] CHO-K1에 결합하는 항체
- [0114] 200,000개의 세포(야생형 CHO-K1 세포 또는 인간 $\alpha 11$ 을 발현하는 CHO-K1 세포)를 FACS 완충액에서 원하는 농도로 각 항체와 함께 4°C에서 30분 동안 인큐베이션했다. 그런 다음 세포를 FACS 완충액으로 세척하고 1:100으로 희석한 2차 항체와 함께 4°C에서 30분 동안 인큐베이션했다. 이어서 세포를 세척하고 실온에서 20분 동안 PBS 중 1% PFA로 고정시켰다; 다시 세척하고 FACS 완충액에서 세포계산기에서 판독한다.
- [0115] HPF/MF에 결합하는 항체
- [0116] 인간 폐 섬유모세포(ScienCell)는 T-150 플라스크에서 80% 융합될 때까지 완전한 섬유모세포 성장 배지(ScienCell)에서 배양되었다. 아큐타제를 사용하여 세포를 세척하고 수확했다. 세포를 완전한 FGF에서 7,500 개 세포/ cm^2 로 T-150 플라스크에 시딩하고 72시간 동안 배양하였다. 이어서 세포를 세척하고 혈청 감소 배지에서 24시간 동안 기아 상태로 하였다. 기아 후, 세포를 TGF β -1(R&D Systems)로 72시간 동안 처리하였다. 아큐타제를 사용하여 세포를 수확하고 96-웰 원추형 바닥 플레이트에 시딩했다. 열 불활성화 태아 소 혈청(Gibco)으로 세포를 4°C에서 30분 동안 차단했다. 그런 다음 세포를 각 도면에 설명된 용량의 항- $\alpha 11$ 항체와 함께 4°C에서 30분 동안 인큐베이션했다. 인간 항- $\alpha 11$ 항체(Creative BioLabs)가 양성 대조군과 적절한 IgG 이소타입 음성 대조군으로 포함되었다. 세포를 두 번 세척하고 시험 중인 항- $\alpha 11$ 항체의 IgG 클래스에 특이적인 PE 접합 2차 항체와 함께 4°C에서 30분 동안 인큐베이션했다. 세포를 2회 세척하고 1% PFA에서 30분 동안 고정시켰다. 각 항체의 FACS Verse(Benton Dickson) 결합에서 세포를 획득했다. 단일 세포를 게이트팅하고 각 샘플에

대한 PE 채널의 기하학적 평균 형광 강도(gMFI)를 결정하여 데이터를 분석했다.

[0117] **표면 플라즈몬 공명(SPR)**

[0118] 인간 $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 항체의 친화도는 표면 플라즈몬 공명 분석(SPR)으로 측정했다. Biacore T200 기기를 사용하여 pH 7.6 및 25°C에서 친화도를 측정했다. 항-HIS 항체는 EDC/NHS 공유 부착을 사용하여 SPR 센서 표면에 고정되었다. HIS 태그가 부착된 인간 $\alpha 11\beta 1$ 을 센서 표면에 포획하고 단일 사이클 동역학 분석을 사용했다. 증가하는 농도의 시험 항체가 센서 결합 $\alpha 11\beta 1$ 에 연속적으로 주입되었다. 해리를 1000초 동안 모니터링하였다. 항-HIS 항체만 있는 센서 표면과 일련의 블랭크 주입을 사용하여 데이터를 이중 참조로 감산한다. 1:1 Langmuir 모델을 데이터에 피팅하여 동역학 결합 상수 및 해리 상수를 추정했다. 상호작용의 친화도(평형 해리 상수)는 동역학 해리 상수를 동역학 결합 상수로 나누어 계산하였다. 주입 사이클들 사이에 pH 1.5에서 10 mM 글리신을 주입하여 $\alpha 11\beta 1$ 과 결합된 항체를 제거했다.

[0119] **세포 부착 억제**

[0120] 0.6×10^6 개 세포/mL를 농도 범위에서 각 항체와 함께 37°C에서 20분 동안 인큐베이션했다. 실온에서 밤새 100 ng/mL 유형 I 콜라겐 또는 PBS로 코팅된 E-Plate VIEW 96 PET 플레이트를 실온에서 3% BSA에서 1 하우스 차단했다. 플레이트를 PBS로 세척한 후, 세포 및 항체 혼합물을 웰에 첨가하고 플레이트를 xCelligence 기계에 넣었다. 세포 부착은 6시간에 걸쳐 기록되었다. 최대 세포 부착 시점을 대조군과 비교하기 위해 사용하였다.

[0121] **섬유모세포에서 근섬유모세포로의 전환(FMT)**

[0122] 인간 폐 섬유모세포(ScienCell)는 80% 융합될 때까지 완전 섬유모세포 성장 배지(ScienCell)에서 배양되었다. 아큐타제를 사용하여 세포를 세척하고 수확했다. 세포를 완전한 섬유모세포 성장 배지에서 20,000개 세포/웰로 조직 배양 처리된 96웰 플레이트에 시딩하였다. 24시간 후, 세포를 세척하고 추가 24시간 동안 혈청 감소 배지에서 기아 상태로 하였다. 기아 후, 세포를 항- $\alpha 11$ 항체 유무에 관계없이 TGF β -1(R&D Systems)로 처리하였다. 폴리클론 토끼 항-인간 $\alpha 11$ 항체를 양성 대조군으로 사용했다. 적절한 IgG 이소타입 대조군도 포함되었다. 48시간 후, 세포를 수확, 고정, 투과화하고 AlexaFluor488 표지된 항- α SMA(α -평활근 액틴)(Invitrogen)로 염색했다. FACS Verse(Benton Dickson)에서 세포를 획득하여 α SMA의 발현 수준을 결정했다. 단일 세포를 게이팅하고 각 샘플에 대한 FITC 채널의 기하학적 평균 형광 강도(gMFI)를 결정하여 데이터를 분석했다. 각 샘플에 대한 gMFI는 처리되지 않은 대조군에 대해 정규화되었고 억제 %로 표시되었다.

[0123] **콜라겐 겔 수축 검증**

[0124] 24-웰 플레이트를 PBS 중 2% BSA로 37°C에서 밤새 차단하였다. 다음날, 플레이트를 검정에 사용하기 전에 PBS로 3회 세척하였다. $\alpha 11$ 을 발현하는 인간 CHO 세포주를 수확하고 ExpiCHO 발현 배지(Gibco™ Cat# A291000 2)에 1.25×10^6 으로 재현탁했다. 콜라겐 겔 용액은 3 mg/mL 스톡 콜라겐 유형 I(Gibco™ Collagen I Rat Protein, Tail Cat# A1048301)을 CHO 세포를 함유하는 배지에서 1 mg/mL로 희석하여 제조했다. 용액에 수산화나트륨을 첨가하여 pH를 중화시키고 콜라겐 용액 400 μ L를 24-웰 플레이트의 각 웰에 첨가하였다. 항체가 콜라겐 겔 용액에 포함된 웰의 경우, CHO 세포를 2.5×10^6 으로 제조하고 항체를 ExpiCHO 배지에서 2x 최종 농도로 제조했다. 그런 다음 스톡 콜라겐 유형 1을 첨가하기 전에 세포와 항체를 1:1로 결합했다. 겔을 37°C에서 60분 동안 중합시켰다. ExpiCHO 배지에 항체를 첨가한 다음 중합 겔(400 μ L/웰) 위에 층을 이루었다. 겔 수축을 정량화하기 전에 겔을 37°C에서 6일 동안 인큐베이션했다. Image J를 사용하여 각 웰의 이미지를 분석하고 겔 수축을 초기 겔 면적의 백분율로 결정했다.

[0125] **종양 이중임식 모델**

[0126] 56마리의 암컷 C.B-17 SCID 마우스에 옆구리 피하로 A549 세포(5×10^6 세포/마우스)를 접종하였다. 종양 부피가 약 100 mm³에 도달하면 동물을 무작위로 각각 8마리씩 7개 그룹으로 랜덤화하였다. 그런 다음 마우스를 이소형 대조군 또는 신규 mAb 79E3E3, 16E10 및 9G04(2 및 20 mg/kg)로 총 7회 용량 동안 3일마다 복강내로 처리하거나 총 6회 용량 동안 4일마다 10 mg/kg의 도세탁셀로 처리했다. 정의된 다음 조건 중 임의의 것이 관찰될 때까지 두 측정 사이에 2 내지 3일의 간격을 두고 종양 부피 및 체중을 일주일에 두 번 기록했다: 20% 이상의 체중 손실; 섭식, 음수 및 이동과 같은 정상적인 생리 기능을 억제하는 종양; 폐양성 종양; 2000 mm³ 초과 종양 크기 및 쇠약, 마비, 발작 및 출혈의 임상적 관찰.

[0127] **정밀 절단 간 절편(PCLS)**

[0128] 정밀 절단 간 절편(PCLS)은 절제된 간 조직으로부터 제조되었고 실험이 시작되기 전에 절단 후 스트레스 기간이 경과하도록 24시간 동안 휴식을 취했다. PCLS는 100 μ g/mL 대조군 항체(그룹 2 및 3 - 마우스 IgG2a 또는 토끼 IgG) 또는 TGF- β 1(3 ng/mL) 및 PDGF- β 의 조합과 함께 외인성 켈링지(그룹 1) 없이 배양되었다(50 ng/mL)(그룹 2-10). PCLS는 그룹 5 내지 10에서 2 단계 증량 용량(10 및 100 μ g/mL)으로 양성 대조군 또는 신규 억제제(16E10, 79E3E3 및 9G05)로서 10 μ M Alk5i(그룹 4)의 존재 또는 부재 하에 배양되었다. 10개 그룹 각각에는 단일 인간 간으로부터 제조된 n=6 인간 PCLS가 포함되었다. 모든 자극 및 화합물을 포함하는 PCLS 배양 배지를 24시간 간격으로 리프레쉬하고 수확했다. 세포 배양 상청액(n=2/3 쌍을 이룬 웰)을 24시간마다 수집하고 용해성 출력의 정량화를 위해 급속 동결했다. 모든 PCLS는 96시간에 수확되었다.

[0129] 간 손상 마커(젖산 탈수소효소(LDH) 및 아스파르테이트 트랜스아미나제(AST)) 및 간세포 기능/생존율(알부민)의 조직 배양 수준을 모든 시점에서 모든 PCLS에서 정량화했다. 알부민 분비는 PCLS 무결성 및 기능의 마커로서 ELISA에 의해 정량화되었다. R&D DuoSet ELISA 키트를 사용하여 세포 배양 상청액에서 콜라겐 1a1, IL-6, 히알루론산 및 Timp-1의 수준을 정량화했다.

[0130] PCLS에서 전체 RNA 추출을 모든 샘플에서 수행했다. RNeasy 미니 키트(Qiagen)를 RNA 추출에 사용했다. RNA를 cDNA로 역전사하고 qPCR에 사용하여 Col1a1, α SMA, TIMP-1, TGF- β 1, IL-6 및 β -액틴/GAPDH의 전사 수준을 측정했다.

[0131] **정밀 절단 신장 절편(PCKS)**

[0132] PCKS는 이식된 섬유성 인간 신장 조직으로부터 제조되었고 실험이 시작되기 전에 절단 후 스트레스 기간이 경과하도록 24시간 동안 휴식을 취했다. PCKS는 Alk5i(10 μ M, 양성 대조군)의 존재 또는 부재 하에 TGF- β 1(3 ng/mL) 및 PDGF β (50 ng/mL)와 함께 배양되었고, 항- α 11 β 1 항체를 세 가지 용량(1, 10 및 50 μ g/mL)에 걸쳐 테스트하거나 단일 고용량에서 IgG 대조군 항체가 있는 상태에서 시험한다. PCKS 배양 배지는 총 3개의 시점에서 24시간마다 수확되었다. R&D DuoSet ELISA 키트를 사용하여 조직 배양 상청액에서 콜라겐 유형 I α 1(col1a1)의 수준을 정량화했다. 통계는 이원 ANOVA와 그 후의 Dunnett의 다중 비교 시험을 사용하여 수행되었다.

[0133] **실시예 1. α 11 β 1에 대한 신규 단일클론 항체 생성 및 결합 친화도 결정**

[0134] 항체 발견은 재조합 인간 α 11 β 1로 래트와 토끼를 면역화하고 마우스를 인간과 마우스 α 11 β 1 모두로 면역화함으로써 수행되었다. 51개의 신규 항-인간 α 11 β 1 단일클론 항체가 생성되었다(토끼 24개, 래트 7개 및 마우스 20개). 마우스 및 래트 항체에 대해 중쇄 및 경쇄 가변 영역 서열을 결정한 반면, 토끼 항체에 대해 전체 중쇄 및 경쇄 서열을 결정하였다.

[0135] 재조합 인간 α 11 β 1에 대한 선택된 마우스 단일클론 항체의 예시적인 결합을 보여주는 ELISA 결과가 도 2a에 나와 있다. 도 2b에 표시된 것처럼 3개의 mAbs도 마우스 α 11 β 1에 결합했다.

[0136] 관심있는 항체가 α 11 β 1의 I 도메인에 결합하는지 여부를 결정하기 위해 데이터도 수집했다. 인하우스 생성된 α 11 β 1의 I 도메인이 사용되었다. 래트 클론 79E3E3, 8H8E9 및 6E5C11은 ELISA에 의해 결정된 바와 같이 각각 높은, 중간 및 낮은 결합을 나타내었다. 마우스 항체 10-F23, 10-L15, 7-O8, 6-A12, 9-G05 및 9-E16 및 토끼 항체 7-H12 및 2-D3도 인하우스 생성된 α 11 β 1 I 도메인에 대한 결합에 대해 시험되었다. 도 3a 및 도 3b는 예시적인 mAb로부터의 결합 데이터를 예시하는 그래프를 보여준다.

[0137] α 11 β 1은 콜라겐 수용체 계열에 속하며 상대적으로 상동성이 높다. 따라서, 본 발명의 신규 항체를 α 1 β 1, α 2 β 1 및/또는 α 10 β 1에 대해 카운터-스크리닝하였다. 표 2는 다른 수용체에 대한 교차 반응성 결과를 포함한다.

[0138] [표 2]

시험된 단일클론 항체의 데이터 요약

	클론 ID	인간 $\alpha 11\beta 1$ ELISA	뮤린 $\alpha 11\beta 1$ ELISA	오프 타겟	I 도메인 결합	CHO-K1 FACS	HPF FACS	MF FACS	콜라겐에 대한 CHO-K1 부착 억제	FMT 억제	CHO-K1 겔 수축 억제
마우스	10-L15	예	예	아니오	예	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	
	8-114	예	예	아니오	아니오	예	아니오	예	아니오	예	아니오
	3-G5	예	예/낮음	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	
	2-A3	예	예/낮음	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	
	8-G15	예	아니오	아니오	아니오	예	아니오	예	예	예	
	8-P20	예	아니오	아니오	아니오	예	아니오	예	아니오	아니오	
	10-F23	예	예/낮음	아니오	예	예	아니오	예	예	아니오	
	7-08	예	예/낮음 ($\alpha 10\beta 1$)	예	예	예	아니오	예	아니오	아니오	
	8-J17	예	아니오 (고용량에서)	아니오	아니오	예	아니오	예	아니오	예	
	9-E16	예	예	아니오	예	예	낮음	예	예	예	
	9-G05	예	예	아니오	예	예	아니오	예	예	예	예
	10-K10	예	예/낮음	아니오	아니오	아니오	아니오	예	아니오	아니오	
	6-012	예	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	
	6-A15	예	예/낮음	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	
	6-B21	예	예/낮음	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	
	6-A12	예	예/낮음	아니오	예	예	아니오	예	예	아니오	
	6-M8	예	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	아니오	
	6-P20	예	아니오	아니오	아니오	예	아니오	아니오	아니오	아니오	
	6-017	예	예/낮음	아니오	아니오	예	아니오	예	아니오	아니오	
	9-B11	예	아니오	아니오	예	예	아니오	예	예	예	아니오
	7-H14	예	예/낮음	아니오	아니오	예	아니오	예	아니오	아니오	
랫	24E4G6	예	아니오/낮음	아니오	아니오	예	아니오	예	아니오	예	예
	40G10H11	예	예	예(모두)	아니오	예	N/A	N/A	예	예	
	18E10F10	예	아니오	아니오	아니오	예	N/A	N/A	예	예	
	8H8E9	예	아니오	아니오	아니오	예	N/A	N/A	예	예	
	6E5C11	예	아니오	아니오	아니오	예	N/A	N/A	아니오	예	
	7D8B10	예	아니오	아니오	아니오	예	아니오	예	아니오	예	
	79E3E3	예	예	아니오	예	예	아니오	예	예	아니오	예
토끼	16E10	예	아니오	아니오	아니오	예	아니오	예	예	예	예
	6F9	예	아니오	아니오	아니오	예	아니오	예	예	아니오	
	6G4	예	아니오	아니오	아니오	예	아니오	예	예	아니오	
	4E1	예	아니오	아니오	아니오	예	아니오	예	예	아니오	
	6C7	예	아니오	아니오	아니오	예	아니오	예	예	아니오	
	5D7	예	아니오	아니오	아니오	예	아니오	예	예	아니오	
	5A7	예	아니오	아니오	아니오	예	아니오	예	예	아니오	
	3B1	예	아니오	아니오	아니오	예	아니오	예	예	아니오	
	16G7	예	예	아니오	아니오	예	아니오	예	아니오	예	아니오

N/A= 시험되지 않음

[0139]

[0140]

인테그린은 크기가 크고, 막관통 수용체는 서로 다른 배좌적 형상으로 존재하기 때문에, 신규 항체가 세포 발현 $\alpha 11\beta 1$ 에도 결합하는지 확인하기 위해 실험을 수행했다. 높은 수준의 $\beta 1$ 소단위를 내생적으로 발현하는 CHO-K1 세포주는 인간 $\alpha 11$ (CHO-K1 hu $\alpha 11$)을 안정적으로 발현하도록 조작되었다.

[0141]

도 4a 및 **도 4b**는 인간 $\alpha 11\beta 1$ (ELISA에 의해 시험됨)에 결합하고 또한 CHO-K1 세포의 표면에서 발현된 $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 결합 능력을 입증한 선택된 래트 및 마우스 mAb를 보여준다. **도 11a** 및 **도 11b**는 CHO 세포 표면에서 발현된 $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 결합 능력을 입증한 선택된 토끼, 래트, 마우스 및 인간 mAb를 보여준다. 추가로, **도 14**는 CHO 세포 표면에서 발현된 $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 결합 능력을 입증한 선택된 완전 인간 mAb를 보여준다. 그러나, **표 1**에 나타난 바와 같이, ELISA에 의해 $\alpha 11\beta 1$ 에 결합하는 것으로 나타났으나 세포-발현 $\alpha 11\beta 1$ 에는 결합하지 않는 몇몇 mAb가 있었다.

[0142]

결합 EC_{50} 은 CHO-K1 hu $\alpha 11\beta 1$ 세포로 수행된 형광 활성화 세포 분류(FACS) 데이터를 사용하여 추정되었다. 결과를 **표 3**에 나타내었다. 시험된 6개의 mAb 중 4개는 낮은 나노몰 범위(8-P20, 8-G15, 8-J17, 8-114)에서 EC_{50} 결과를 가졌고, 나머지 2개의 mAb는 강력하지 않았다(9-G05 및 9-E16; 둘 모두 I 도메인 바인더).

[0143] [표 3]

마우스 mAb 에 대한 추정된 CHO-K1 결합 EC50

mAb	농도 ($\mu\text{g/mL}$)	물농도 (nM)
9-G05	21.03	140.2
8-P20	0.12	0.8
8-G15	0.22	1.5
8-J17	0.33	2.2
8-I14	1.22	8.1
9-E16	42.80	285.3

[0144]

[0145] 도 9에 도시된 바와 같이, 항체 16E10, 79E3E3, 9G05 및 1994_01_C07이 표면 플라즈몬 공명(SPR)을 통해 인간 $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 친화도를 시험했을 때, 이들은 각각 48 pM, 10 pM, 2.85 nM 및 0.77 nM의 KD를 나타냈다. 흥미롭게도 16E10 및 1994_01_C07은 $\alpha 11\beta 1$ 의 I 도메인 또는 헤드피스 도메인에 결합하지 않으며, 이는 둘 다 리간드 결합 도메인에 결합하지 않지만 여전히 $\alpha 11\beta 1$ 기능을 억제함으로써 알로스테릭 억제제로 작용할 수 있음을 나타낸다. 9G05 및 79E3E3은 I 도메인(리간드 결합 도메인)에 결합하므로 리간드 결합 부위를 직접 억제할 수 있다. SPR로 측정된 $\alpha 11\beta 1$ 헤드피스 및 $\alpha 11\beta 1$ I 도메인에 대한 항체의 결합 친화도는 각각 도 10a 및 도 10b에 나와 있다.

[0146]

생리학적으로 관련된 일차 인간 세포 유형에 대한 결합도 시험되었다. 인간 폐 섬유모세포(HPF) 및 TGF β 처리를 사용하여 섬유모세포에서 근섬유모세포로의 전이(FMT)를 유도하여 근섬유모세포(MF)를 발생시켰다. HPF는 $\alpha 11\beta 1$ 을 발현하지 않지만 MF는 $\alpha 11\beta 1$ 의 상당한 발현을 보인다. 추가로 HPF는 다른 콜라겐 결합 수용체인 $\alpha 1\beta 1$ 및 $\alpha 2\beta 1$ 을 발현하는데, 이는 HPF가 관심 있는 항체의 교차 반응성을 시험할 수 있음을 의미한다. 선택된 mAb는 HPF 및 MF에 대한 결합에 대해 평가되었고, 도 5, 도 12 및 도 13에 도시된 바와 같이, 시험된 항체가 HPF에 결합하지 않으면서 MF에 강력하게 결합하는 것이 분명하며, 단, 오프-타겟 결합을 나타내는 일부 HPF 결합을 나타낸 9-E16은 예외이다.

[0147] 실시예 2. $\alpha 11\beta 1$ 에 대한 신규 단일클론 항체의 생물학적 활성

[0148] 근섬유모세포는 섬유화 기질 분비를 담당하므로 MF 축적을 차단 및/또는 감소시키는 것은 섬유증을 치료 및/또는 예방하기 위한 중요한 단계이다. 이는 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체를 사용하여 섬유모세포에서 근섬유모세포로의 전이를 억제함으로써 달성할 수 있다. 수용체 차단 리간드 결합의 전형적인 기능적 억제제는 $\alpha 11\beta 1$ 과 유형 I 콜라겐의 결합을 방지하는 것이 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체의 바람직한 특징이지만 치료 효능에는 필요하지 않을 수 있다. 다른 많은 수용체와 달리 인테그린은 "외부에서"(표준, 리간드 매개) 신호와 "내부에서" 신호를 모두 수행할 수 있다. 따라서, 항체가 내부 신호 및 FMT를 방지하는 방식으로 $\alpha 11\beta 1$ 의 구조에 영향을 주는 방식으로 $\alpha 11\beta 1$ 에 결합할 수 있지만 $\alpha 11\beta 1$ 이 유형 I 콜라겐에 결합하는 능력에는 영향을 미치지 않는다. 이러한 이유로 리간드 결합을 차단하는 mAb와 차단하지 않는 mAb가 모두 이 연구에 포함되었다.

[0149] CHO-K1 hu $\alpha 11$ 세포주를 사용하여 유형 I 콜라겐에 대한 $\alpha 11\beta 1$ 매개 결합을 차단하는 mAb의 능력을 평가했다. 도 6a에 나타난 바와 같이, 시험된 3개의 래트 mAb 중 2개는 유형 I 콜라겐 코팅 플레이트에 대한 CHO-K1 hu $\alpha 11$ 세포의 부착을 상당히 억제했다. "미처리" 조건에서, 세포는 유형 I 콜라겐에 플레이팅되었지만 항체는 첨가되지 않았고 "비코팅" 조건에서 세포는 유형 I 콜라겐을 함유하지 않는 BSA-코팅된 웰에 시딩되었다. 통계는 일원 ANOVA와 그 후의 Dunnett의 다중 비교 시험을 사용하여 수행되었다. I-도메인 결합체인 79E3E3은 9.4 nM의 IC50으로 세포 부착을 차단할 수 있었다. 그러나, 40G10H11은 세포 부착을 강력하게 억제했지만 다른 콜라겐 수용체($\alpha 1\beta 1$, $\alpha 2\beta 1$ 및 $\alpha 10\beta 1$)와 교차 반응하지만 I-도메인 바인더인 것으로 밝혀지지 않았다. 24E4G6은 I-도메인에 결합하지도 않았고 콜라겐에 대한 세포 부착을 억제하지도 않았다. 토끼 mAb를 시험했을 때 9개의 mAb 중 8개가 강력하게 그리고 상당히 세포 부착을 억제했으며 이러한 mAb 중 어느 것도 I-도메인 결합체로 밝혀지지 않았다(도 6b). 따라서, 이러한 mAb는 인테그린을 낮은 또는 중간 친화도 상태로 유지하는 $\alpha 11\beta 1$ 도메인에 결합할 수 있다. 도 6c는 선택된 마우스 mAb의 활동을 보여준다. 6개 mAb 중 3개는 세포 부착을 상당히 차단했고, 그 mAb 중 2개는 I-도메인 결합체(9-G05 및 9-E16)인 것으로 밝혀졌다. 그러나, 8-G15는 세포 부착의 강력한 차단제이지만 I-도메인에 결합하는 것으로 밝혀지지 않았다. 8-P20, 8-J17 및 8-I14는 유형 I 콜라겐에 대한 세포 부착을 차단하지 않았다. 9종의 인간 mAb에 대해서도 인간 CHO- $\alpha 11$ 세포가 유형 I 콜라겐에 결합하는 것을 억제하는 능력에 대해 시험했다. 도 15a 및 도 15b에 나타난 바와 같이, 모든 인간 Ab는 대조군에 비해 세포 부착을 억제하였으며, 1994-01-C07은 3.3 nM의 IC50을 가졌다. 이러한 데이터에 의해 설명된 바와 같이(그리고 표 1에 요약됨), 일부 항- $\alpha 11\beta 1$ mAb는 ELISA 및 FACS로 시험했을 때 인간 $\alpha 11$

$\beta 1$ 에 강력하게 결합하는 것으로 밝혀졌지만 모든 항체가 리간드 상호작용을 차단할 수 있는 것은 아니다. 또한, I-도메인($\alpha 11\beta 1$ 의 리간드 결합 도메인)에 대한 결합은 $\alpha 11\beta 1$ 과 유형 I 콜라겐의 상호작용을 차단하는 데 필요하지 않은 것으로 밝혀졌다.

[0150] 위에서 설명한 결합 능력 외에도 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체가 섬유모세포에서 근섬유모세포로의 전이(FMT)를 억제하는 것이 중요하다. 근섬유모세포는 서로 다른 활성화 상태에 존재하는 이질적인 세포 집단이며, 콜라겐 세포외 기질(ECM)을 생성하고 수축시키는 주요 기능을 가지고 있음이 이제 인정된다. FMT는 복구 중인 조직의 변화하는 기계적 환경에 의해 제어되는 다단계 이벤트이다. $TGF\beta$ 는 이 과정을 강화하는 강력한 인자 중 하나이며 알파 평활근 액틴(α SMA)은 섬유모세포가 근섬유모세포로 변이를 겪을 때 과발현되는 주요 마커 중 하나이다. α SMA의 존재는 섬유모세포 수축을 강화하고 세포내 피드백 루프를 통해 근섬유모세포 활성화를 안내한다. α SMA는 근섬유모세포의 주요 분자 마커이기 때문에 $TGF\beta$ 유도 FMT에서 α SMA 발현을 억제하는 신규 항- $\alpha 11\beta 1$ mAb의 능력을 시험했다.

[0151] 도 7a에 나타난 바와 같이, 2개의 래트 mAb(40G10H11 및 24E4G6)는 대조군과 비교하여 α SMA 발현을 상당히 억제했지만, 어느 항체도 I-도메인 바인더는 아닌 것으로 밝혀졌다. 통계는 일원 ANOVA와 그 후의 Dunnett의 다중 비교 시험을 사용하여 수행되었다. 또한, 40G10H11만이 유형 I 콜라겐에 대한 세포 부착을 억제했다. 흥미롭게도, 79E3E3 mAb는 I-도메인 바인더인 것으로 밝혀졌으며 콜라겐에 대한 세포 부착을 강력하게 억제했지만 α SMA 발현(근섬유모세포 생성을 위한 대용물)을 감소시키지는 못했다. 도 7b에 나타난 바와 같이, 2개의 토끼 mAb는 대조군과 비교하여 α SMA 발현을 상당히 억제했지만, 어느 항체도 I-도메인 바인더는 아닌 것으로 밝혀졌다. 16E10은 리간드 결합과 FMT(α SMA 상향 조절의 억제 %)를 모두 억제하는 것으로 밝혀졌지만, 16G7은 FMT를 억제하는 것으로 밝혀졌지만 콜라겐에 대한 세포 부착에는 영향을 미치지 않았다. 마지막으로, 도 7c에 나타난 바와 같이, 6개의 시험된 마우스 mAb 중 5개가 대조군에 비해 α SMA 발현을 상당히 억제하였다. 세 가지 FMT 억제제(9-G05, 8-G15, 9-E16)도 콜라겐에 대한 세포 부착을 감소시키는 것으로 밝혀졌으며 그 중 두 가지(9-G05, 9-E16)도 I 도메인에 결합했다. 마우스 항체 8-J17 및 8-I14는 FMT만 억제하고 리간드 결합에 영향을 미쳤다.

[0152] 실시예 3. 콜라겐 겔의 세포 매개 수축을 억제하는 선택된 항체의 능력

[0153] CD 콜라겐 I 겔의 세포 매개 수축은 이전에 $\alpha 11\beta 1$ 매개인 것으로 밝혀진 과정이며, 보다 최근의 연구에서는 $\alpha 11\beta 1$ 매개 다운스트림 신호가 겔 수축이 발생하는 데 필수불가결한 것으로 나타났다. 선택된 예시적인 항체는 세포-매개된 3D 겔 수축을 억제하는 능력에 대해 시험되었는데, 이는 이러한 능력이 예시적인 항체의 기능성에 직접적으로 연결되기 때문이다.

[0154] 도 8에서 볼 수 있는 바와 같이, 래트 79E3E3, 마우스 9E16, 9G05 및 8I14, 토끼 16E10 및 인간 1994_01_C07, 2004_04_B03, 2004_04_C12 및 1994_01_D12 항체는 모두 CHO-hu $\alpha 11$ 매개 콜라겐 겔 수축을 억제했다. 주목할 점은 UT(미처리) 조건에서 볼 수 있듯이 CHO-hu $\alpha 11$ 세포는 $TGF\beta$ 를 첨가하지 않고도 콜라겐 겔을 수축시킬 수 있다는 것이다. 미처리 조건에서, 세포는 콜라겐 겔에 포매되었지만 항체는 첨가되지 않았다. 통계는 일원 ANOVA와 그 후의 Dunnett의 다중 비교 시험을 사용하여 수행되었다; 각각의 처리 조건을 미처리 조건과 비교하였다. 별표는 통계적 유의성을 나타내고 "ns"는 차이가 통계적으로 유의하지 않음을 나타낸다.

[0155] 실시예 4. 종양 이종이식편 성장에 대한 선택된 항체의 효과 평가

[0156] 이전 연구에서는 $\alpha 11$ 녹아웃 SCID 마우스에서 A549 세포 이종이식편의 성장이 야생형 마우스에 비해 상당히 방해되는 것으로 나타났다. 이 예에서는 mAb로 $\alpha 11\beta 1$ 기능을 억제하면 이종이식 성장이 억제되는지 확인하기 위한 연구가 수행되었다. 도 16 및 표 4에서 볼 수 있듯이 마우스 CAF에서 $\alpha 11\beta 1$ 을 차단하면 SCID 마우스에서 이종이식 성장이 지연되었다. 구체적으로, 마우스 $\alpha 11\beta 1$ 과 교차 반응하는 이펙터가 없는 mAb인 79E3E3은 이소형 대조군과 비교하여 종양 성장을 상당히 억제한 반면, 마우스 $\alpha 11\beta 1$ 에 결합하지 않는 mAb인 16E10은 종양 성장의 상당한 억제를 나타내지 않았다. 종양 발현 $\alpha 11\beta 1$ 의 억제는 16E10이 어떠한 효과도 나타내지 않았기 때문에 종양 성장에 영향을 미치지 않았다.

[0157] [표 4]

mAb 로 처리한 후 부피가 두 배가 되는 일수

처리	부피가 두 배가 되는 일수(평균, 95% CI)
마우스 IgG2a	7.6 (7.3, 8.0)
도세탁셀	11.0 (10.0, 12.0)
79E3E3 2mpk	8.5 (8.0, 9.0)
79E3E3 20mpk	8.5 (8.0, 9.0)
16E10 2mpk	7.9 (7.5, 8.3)
16E10 20mpk	7.9 (7.5, 8.3)

[0158]

[0159] 실시예 5. 인간 정밀 절단 간 절편(PCLS)에 대한 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체의 효과

[0160] 인간 간 조직의 정밀 절단 간 절편(PCLS)은 조직 구조를 생리학 및 구조적으로 대표하고 인간 PCLS에서 치료 표적을 시험하면 임상 상황에 대한 효과 및 관련성을 평가할 수 있어 생체내 설치류 모델 및 시험관내 2D 세포 배양 방법의 한계를 극복할 수 있다. 조직 생물 반응기 기술은 시험관내에서 적어도 6일 동안 인간 간 조직에서 PCLS의 생존력과 기능을 유지한다.

[0161] 도 17a 내지 도 17c에 나타난 바와 같이, 시험된 모든 항- $\alpha 11-\beta 1$ 항체는 용량 의존적 방식으로 또는 시험된 최고 용량에서 용해성 섬유화 촉진 마커(COL1A1, 히알루론산 및 TIMP1)의 부분 억제를 제공했다. 어떤 항체로 치료한 후에도 독성이 관찰되지 않았다(즉, ALT, AST 또는 알부민의 상승 없음, 데이터는 표시되지 않음).

[0162] 실시예 6. 인간 정밀 절단 신장 절편(PCKS)에 대한 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체의 효과

[0163] 인간 정밀 절단 신장 절편(PCKS)은 중간 정도의 섬유증이 있는 인간 신장 조직으로부터 제조된다. 24시간 동안의 휴지 후, PCKS는 신규 항- $\alpha 11\beta 1$ 단일클론 항체와 함께 상이한 용량과 시간에 따라 배양된다. 각 시점에서 PCKS 배양 배지를 수집한다. 수확 시점에서 배양 배지를 수집한 후 각 조직 절편에서 RNA를 추출한다. 섬유화 촉진 매개체의 범위는 분비 단백질(COL1A1, 피브로넥틴, PAI-1, IL-11, CXCL1, MCP-1, IL-6, TIMP-1, 히알루론산, TGF β , CTGF, PDGF 및 MMP9를 포함하지만 제한되지 않음)로서 배양 배지에서 측정되며 또한 전사 수준(COL1A1, IL-6, TIMP-1, 히알루론산, TGF β , CTGF, α SMA 및 ITGA11을 포함하지만 이에 제한되지 않음)에서도 측정된다.

[0164] 상기 방법에 설명된 바와 같이, PCKS는 이식된 섬유성 인간 신장 조직으로부터 제조되었고 실험이 시작되기 전에 절단 후 스트레스 기간이 경과하도록 24시간 동안 휴식을 취했다. PCKS는 Alk5i(10 μ M, 양성 대조군)의 존재 또는 부재 하에 TGF- β 1(3 ng/mL) 및 PDGF $\beta \beta$ (50 ng/mL)와 함께 배양되었고, 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체를 세 가지 용량(1, 10 및 50 μ g/mL)에 걸쳐 테스트하거나 단일 고용량에서 IgG 대조군 항체가 있는 상태에서 시험한다. PCKS 배양 배지는 총 3개의 시점에서 24시간마다 수확되었다. R&D Duoset ELISA 키트를 사용하여 조직 배양 상청액에서 콜라겐 유형 I $\alpha 1$ (colla1)의 수준을 정량화했다. 통계는 이원 ANOVA와 그 후의 Dunnett의 다중 비교 시험을 사용하여 수행되었다.

[0165] 도 18a 내지 도 18c에 나타난 바와 같이, 각 항- $\alpha 11-\beta 1$ 항체에 대해 적어도 한 시점에서 적어도 한 번 용량은 colla1 분비의 상당한 억제를 제공했다. 시험된 각 용량에서 72시간 및 96시간 시점에서 1994_01_C07 신규 mAb에 의해 colla1 분비가 상당히 억제되었다. 이것은 콜라겐 유형 I 침착이 섬유 조직의 주요한 문제원인이기 때문에 중요한 발견이다.

[0166] 실시예 7. 생체내 신장 섬유증 모델에 대한 항- $\alpha 11\beta 1$ 항체의 효과

[0167] 두 가지 다른 신장 섬유증 모델, 즉 5/6 신장 절제술 모델과 ReninAAV Unx db/db 마우스 모델이 사용된다. 이 두 모델은 측정 가능한 감소된 신장 기능을 가진 상당한 신장 섬유증을 특징으로 한다. 이러한 모델에서 항- $\alpha 11\beta 1$ mAb를 테스트하고 신장 형태(섬유증) 및 신장 기능(GFR 및 알부민뇨)에 미치는 영향을 측정한다.

[0168] 예시적인 서열

[0169] 항- $\alpha 11\beta 1$ 단일클론 항체의 DNA 서열

[0170] 래트 mAb 서열

[0171] 신호 서열-FR1-CDR1-FR2-CDR2-FR3-CDR3-FR4

- [0172] 79E3E3 중쇄 가변 영역
- [0173] 신호 서열-FR1-**CDR1**-FR2-**CDR2**-FR3-**CDR3**-FR4
- [0174] ATGGATTGGTTGTGGAACCTGCTATTCCTGATGGTAGTTGCCAAAGTGCTCAAGCACAGATCCAGTTGGTACAGTCTGGACCTGAAGTAAAGAAGCCTGGA
GAGTCAGTGAAGATCTCCTGCAAGGCCCTCTGGGTATACCTTCACAG**ACTATGCAATGAAC**TGGGTGAAACAGGCTCCAGGAAATGGCCTGAAGTGGATGGGC
TGGATCAACACCCAACTGGAAAGCCAACATATGCGGATGATTTCAAACAACGGTTTGCTCTCTCTTTGGAACTTCTGCCAGAACTACATATTTGCAGATC
AACAACTCAATATTGAAGACACAGCTACATATTTCTGTACGAGATTGGGTACAGGTAATACGAAGGGGTTTGCTTACTGGGGCCAAGGCACTCTGGTCACT
GTCTCTTCA (SEQ ID NO: 1)
- [0175] 79E3E3 경쇄 가변 영역
- [0176] ATGGAATCACAGACGCATGTCCTCATTTCCTTCTGCTCTGTGTATCAGGTACCTGTGGGACATTTTGATAAACAGTCTCCAGCCTCTCTGACTGTGTCA
GCAGGAGAGAGGGTCACTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTTCTATACAGTGAAACAACCAGGACTATTTGGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGGACAG
TTTCTCTAAATGCTTATCTATGGGGCATCCAACCGGCACACTGGGGTCCCTGATCGCTTCACAGGCAGTGGATCTGGGACAGACTTCACTCTGACCATCAGC
AGTGTGCAGGCTGAAGACCTGGCTGATTATTATTGTGAGCAGACCTACAGATATCCATTCACGTTTCGGCTCAGGGACGAAGTTGGAAATAAAA (SEQ ID
NO: 2)
- [0177] 24E4G6 중쇄 가변 영역
- [0178] ATGGAGTTGGAATTGAGCTTAATTTTTATTTTTCTCTTTTAAAGATGTCCAGTGTGAAGTACAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAAGCTTGGTTCAACCTGGG
GGTTCTCTGAAACTCTCCTGTGTAGCCTCAGGATACACTTTCAGTA**ACTACTGGATGGAC**TGGGTTCCGCAGTCTCCTGGAAAGTCCCTGGAATGGATTGGA
GAGATTAACACGGATGGCAGAAGGACCAACTATGCACCATCCATAAAGGATCGATTACAATCTCCAGAGACAATGCCAAGAGCACCTGTATCTGCAGATG
AGCAATGTGAAATCAGATGACACAGCCATTTATTACTGTACCATACTACGGGTATACCCCCACTACTTTGATTACTGGGGCCAAGGAGTCATGGTCACAGTC
TCCTCA (SEQ ID NO: 3)
- [0179] 24E4G6 경쇄 가변 영역
- [0180] ATGATGAGTCCTGCCAGTTCCTGTTTCTGCTAATGCTCTGGATCCAGGAAGCCCGGGAGATGTTGTGATGACCCAGACACCACCGTCTTTGTGGTTGCC
ATTGGACAATCAGTCTCCATCTCTTGAAGTCAAGTCAGAGCCTCGTATATAGTGATGGAGAGACATATTGCAATTGGTTTTTACAGAGTCTGGCAGGTCT
CCGAAGCGCCTAATTTAT**CAGTGTCTAATCTGGGCTCT**GGAGTCCCTGACAGGTTCACTGGCACTGGATCACTGACAGATTTTACACTTAGAATCAGCAGA
GTGGAGGCTGAGGATTTGGGAGTTTATTACTGCGCGCAACTACACATTTTCTCCACGTTTGAGCTGGGACCAAGCTGGAAGTGAAG (SEQ ID NO:
4)
- [0181] 8H8E9 중쇄 가변 영역
- [0182] ATGGCTGTCTGGTGTCTGTCTGCCTGGTGACATTTCCAAGCTGTGCCCTGTCCAGGTGCAGTTGAAGGAGTCAGGACCTGGTCTGGTGCAGCCCTCA
CAGACCTGTCCCTACCTGCACTGTCTCTGGTTCTCATTAACCAGCAATAGTGTTAGCTGGGTTCCGACGGCTCCGGGAAAGGGTCTGGAGTGGATGGGA
GCAATATGGAGTGGTGAAGCACAGATTATAATTACAGTCTCAAATCCGACTGAGCATCAGCAGGGACACCTCCAAGAGCCAAGTTTCTTAAAAATGAAC
AGTCTGCAAACTGAAGACACAGCCATTTACTTCTGTACCAGATCTCACTGGGAGCCCTTTGATTACTGGGGCCAAGGAGTCATGGTCACAGTCTCCTCA
(SEQ ID NO: 5)
- [0183] 8H8E9 경쇄 가변 영역
- [0184] ATGGAATCACAACTCAGGCCCTCATATCCCTGCTGCTCTGGGTATATGGTACCTGTGGGACATTTGTGATGACCCAGTCTCCATTCTCCCTGGCTGTGTCA
GAAGGAGAGATGGTCACTATAAACTGCAAGTCCAGTCAGGGTCTTTTATCCAGTGGAACCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGAGACCAGGGCAG
TCTCTAAACTACTGATCTACTATGCATCCACTAGGCAATCAGGGTCCCTGATCGCTTCATAGGCGGTGGATCTGGGACAGACTTCACTCTGACCATCAGC
GATGTGCAGGCTGAAGACCTGGCAGATTATTACTGCTGCAGCATTACAGCTATCTCCACGTTTCGGTTCTGGGACCAAGCTGGAGATCAAA (SEQ ID
NO: 6)
- [0185] 6E5C11 중쇄 가변 영역
- [0186] ATGGCTGTCTGGTGTCTGTCTGCCTGGTGACATTTCCAAGCTGTGCCCTGTCCAGGTGCAGCTGAGGGAGTCAGGACCTGGTCTGGTGCAGCCCTCA
CAGACCTGTCCCTACCTGCACTGTCTCTGGTTCTCATTGACCAGCAATAGTGTTAGCTGGGTTCCGACGGCTCCGGGAAAGGGTCTGGAGTGGATGGGA
GCGATATGGAGTGTGGAAGCACAGATTATAATTCAACTCTCAAATCCGACTGAGCATCAGTAGGGACACCTCCAAGAGCCAAGTTTCTTAAAAATGAGC
AGTCTGCAAACTGAAGACACAGCCATTTACTTCTGTACCAGATCCCACTGGGAGCCCTTTGATTACTGGGGCCAAGGAGTCATGGTCACAGTCTCCTCA
(SEQ ID NO: 7)
- [0187] 6E5C11 경쇄 가변 영역

ACATTGACTGTAGACAAGTCCTCCAGCACAGCCTACATGGAGCTCCGCAGCCTGACATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGATTAGACAGCTCAGGCTACGGTTACTATGCTATGGACTACTGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 15)

[0204] 9-G05 경쇄 가변 영역

[0205] GACATTGTGCTGACCCAATCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCAGAGGGCCACCATCTCCTGCAGAGCCAGCGAAAGTGTGATAATTATGGCATTAGTTTTATGCACTGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCACCCAACTCCTCATCTATCGTGCATCCAACCTAGACTCTGAGATCCCTGCCAGGTTCAAGTGGCAGTGGGTCTAGGACAGACTTCACCTCACCATTGATCCTGTGGAGACTGATGATGTTGCAACCTATTACTGTGCAAGATTATAAGGATCCTCGGACGTTCTGGTGGAGGCACCAAGCTGGAAATCAAA (SEQ ID NO: 16)

[0206] 8-P20 중쇄 가변 영역

[0207] AAAGTGATGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGCCTTAGTGAAGCCTGGAGGGTCCCTGAAACTCTCCTGTGTAGCCTCTGGATTCACTTTCAGTAACTATGCCATGTCTTGGGTTCGCCAGACTCCAGAGAAGAGGTGGAGTGGGTGCGAACCATTAGTAGTGGTGGTTATTACACTTACTATCCAGACAGTGTGAAGGGTCGATTCCACCATCTCCAGAGACAATGCCAGGAACCCCTGTTCTGTGCAATGAGCAGTCTGAGGTCTGAGGACACGGCCATGTTTACTGTGCAAGAGAGGATGATTACGGAAGATATCTCTATACTATGGACTACTGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 17)

[0208] 8-P20 경쇄 가변 영역

[0209] GATGTTGTGATGACCCAACTCCACTCTCCCTGCCTGTGAGTCTTGAGATCAAGTCTCCATCTCTTGAGATGTAGTCAGAGCCTGTACACAGTAATGGA AACACCTATTTACATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGCCAGTCTCCACAGCTCCTGATCTACAAAATTTCCAACCGATTTTCTGGGGTCCAGACAGGTTCAAGTGGCAGTGGATCAGGGACAGATTTCACTCAAGATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATCTGGGAGTTTATTCTGTCTCAAAGTACACATGTTCCGTACAGTTTCGGAGGGGGACCGAGCTGGAAATAAAA (SEQ ID NO: 18)

[0210] 8-G15 중쇄 가변 영역

[0211] GAGGTCCAGTGCAGCAGTCTGGACCTGAGCTGGTAAAGCCTGGGGCTTCAGTGAGGATATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCAGTACTACTACATACACTGGGTGAAGCAGAAGCCTGGGCAGGGCCTTGAATGCATTGGAGAGATTTATCCTGGAAGTGAATACTTACTACAGTAAAAAATTCAGGGGCAAGGCCACACTGACTGCAGACAAATCCTCCGACACAGCCTACATGCAGCTCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTTCTGTGCAAGAGGAGACTACTATAGGGGTACTTCGATGTCTGGGGCGCAGGGACCGTCAACCGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 19)

[0212] 8-G15 경쇄 가변 영역

[0213] GATGTTGTGATGACTCAGACCTCACTCACTTTGTGGTTACCATTTGGACAACCAGCCTCCATCTCTTGCAAGTCAAGTCAGAGCCTTTACATAGTAATGGA AAGACATATTTGAATTGGTTATTACAGAGGCCAGGCCAGTCTCCAAAGTTCTAATCTATCTGGTGTCTAAAGTGAATCTGGAGTCCCTGACAGGTTCAAGTGGCAGTGGATCAGGGACAGATTTCACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATTTGGGGGTTTATTACTGCTTGAATCTACACATTTCTCTGGACGTTCGGTGGAGGCACCAAGCTGGAAATCAAA (SEQ ID NO: 20)

[0214] 8-I14 중쇄 가변 영역

[0215] GAGGTCCAGTGCAGCAGTCTGGACCTGAGCTGGTAAAGCCTGGGGCTTCAGTGAAGAAATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCAGTACTACTACATGCACTGGGTGAAGCAGAAGCCTGGGCAGGGCCTTGAGTGGATTGGAAAGATTTATCCTGGAAGTGGTAATACTCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAAGGCCACACTGACTGCAGACAAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGCTCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTTCTGTGCAACCAATTACTACGGCTACAGGGCAATGAACTATTGGGGTCAAGGATCCTCAGTCACCGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 21)

[0216] 8-I14 경쇄 가변 영역

[0217] GACATCCATTTGACCCAGTCTCCATCCTCTATCTGCCTCTCTGGGAGAAAGAATCAGTCTCACTTGCCGGGCAAGTCAGGACATTTATATTAGCTTAAAC TGGTTTCAGCAGAAACCAGATGGAATATTAACCTCCTGATCTACGGCACATCCAGTTTAGATTCTGGTGTCCCCAAAAGGTTCAAGTGGCAGTAGGTTCTGGGTCAGATTATTTCTCTCACCATCAGCAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTGAGACTATTACTGTCTACAATATGCTAGTTCTCCGTACACGTTTCGGAGGGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA (SEQ ID NO: 22)

[0218] 9-E16 중쇄 가변 영역

[0219] GAGGTCCAGTGCAGCAGTCTGGACCTGAGCTGGTAAAGCCTGGGGCTTCAGTGAAGATATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCAGTACTACTACATGCACTGGGTGAAGCAGAAGCCTGGGCAGGGCCTTGAGTGGATTGGAGAGATTTATCCTGGAAGTGGTAATCCTTACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAAGGCCACACTGACTGCAGACAAATCATCCAGCTCAGCCTACATGCAGCTCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTTCTGTGCAAGAACCTCTACGGTAGAGTAGGGACAGGGTTTGCTTACTGGGGCAAGGGACTCTGGTCACTGTCTCTGCA (SEQ ID NO: 23)

[0220] 9-E16 경쇄 가변 영역

- [0221] AATTTTGTGATGACCCAACTCCACTCTCCCTGCCTGTGTCAGTCTTGGAGATCAAGCCTCCATCTCTTGCAGATCTAGTCAGAGCCTTCTACACAGTAACGGA
AACACCTATTTACATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGCCAGTCTCCAAAGCTCCTGATCTACAAAGTTTCCAACCGATTTTCTGGGGTCCCAGACAGGTTTCAGT
GGCAGTGGATCAGGGACAGATTTCACTCAAGATCAACAGAGTGGAGACTGAGGATCTGGGAATTTATTTCTGCTCTCAAAGTTCACATGTTCCACAGTTC
GGTGCTGGGACCAAGCTGGAGCTGAAA (SEQ ID NO: 24)
- [0222] 8-J17 중쇄 가변 영역
- [0223] CAGGTCCAGTGCAGCAGTCTGGGGCTGAACTGGCAAAACCTGGGGCCTCAGTGAAGATGTCTGCAAGGCTTCTGGCTACACCTTTACTAACTACTGGATG
CACTGGGTAAACAGAGGCTGGACAGGGTCTGGAATGGATTGGATACATTAATCCTAACAATGGTTATACTGAGTACAATCAGCGATTCAAGGACAAGGCC
ACATTGACTGCAGACAGATCCTCCACCACAGCCTACATGCAACTAAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTACTGTGCAAGATCCGATATCATT
ACGACAGACTACTGGGGCCAAGGCACCACTCTCACAGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 25)
- [0224] 8-J17 경쇄 가변 영역
- [0225] GATGTTGTGATGACCCAACTCCACTCTCCCTGCCTGTGTCAGTCTTGGAGATCAAGCCTCCATCTCTTGCAGATCTAGTCAGAGCCTTGTATATAGTAATGGA
AATACCTATTTACATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGCCAGTCTCCAAAGCTCCTGATCTACAAAGTTTCCAACCGATTTTCTGGGGTCCCAGACAGGTTTCAGT
GGCAGTGGATCAGGGACAGATTTCACTCAAGATAAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATCTGGGAGTTTATTTCTGCTCTCAAAGTACACATGTTCCGTGGACG
TTCGGTGGAGGCACCAAGCTGGAAATCAAA (SEQ ID NO: 26)
- [0226] 6-012 중쇄 가변 영역
- [0227] GAAGTGAAGCTTGAGGAGTCTGGAGGAGGCTTGGTGCAACCTGGAGGATCCATGAAACTCTCTTGTGCTGCCTCTGGATTCACTTTTAGTGACGCCTGGATG
GACTGGGTCCGCCAGTCTCCAGAGCGGGGCTTGAGTGGGTGCTGAAATTAGAAACAAAGCTCATAATCCTGCAACATACTATGCTGAGTCTGTGAAAGGG
AGATTACCATCTCAAGAGATGATTCCAAAAGTAGTGTCTACCTGCAAAATGAACAGCTTAAGAGCTGAAGACACTGGCATTATTACTGTACCTTAGTAGCC
CCTGATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 27)
- [0228] 6-012 경쇄 가변 영역
- [0229] GACATTGTGATGTCACTGTCTCCATCCTCCCTAGCTGTGTGTCAGTTGGAGAGAAGGTTACTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGCCTTTTATATAGTCGCAAT
CAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGCATCTGGAGTCCCTGATCGCTTC
ACAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTGTGAAGGCTGAAGACCTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATAGCTATCCGTAC
ACGTTTCGGAGGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA (SEQ ID NO: 28)
- [0230] 10-L15 중쇄 가변 영역
- [0231] CAGGTCCAATGCAGCAGTCTGGGCCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGGCTTCAGTGAAGATGTCTGCAAGGCTTCAGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGATG
CACTGGGTGAAACAGAGGCTGGACAAGGCCTTGAGTGGATTGGCATGATTGATCCTTCCAATAGTGAAACTTGGTTAAATCAGAAGTTCAAGGACAAGGCC
ACATTGAATGTAGACAAATCCTCCAACACAGCCTACATGCAGCTCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTACTGTGCAAGATATGATGGTTAC
TACGACTACTGGGGCCAAGGCACCACTCTCACAGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 29)
- [0232] 10-L15 경쇄 가변 영역
- [0233] AACATTGTGCTGACCAATCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTTAGGGCAGAGGGCCACCATATCCTGCAGAGCCAGTGAAAGTGTGATAGTTATGGCAAT
AGTTTTATGCACTGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCACCCAACTCCTCATCTATCTTGATCCAACGTAGAATCTGGGGTCCCTGCCAGGTTTCAGTGGC
AGTGGGTCTAGGACAGACTTCACCTCACCATTGATCCTGTGGAGGCTGATGATGCTGCAACCTATTACTGTGCAAAAATAATGAGGATCCGTGGACGTTCT
GGTGGAGGCACCAAGCTGGAAATCAAA (SEQ ID NO: 30)
- [0234] 7-H14 중쇄 가변 영역
- [0235] CAGGTCCAATGCAGCAGCCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGGCTTCAGTGAAGCTGTCTGCAAGCCTTCTGGCTACACCTTCACCAGCTACTGGATG
AACTGGGTGAAGCAGAGGCTGGACAAGGCCTTGAATGGATTGGTATGATTGATCCTTCAGACAGTGAAACTACTACAATCAAATGTTCAAGGACAAGGCC
ACATTGACTGTTGACAAATCCTCCAACACAGCCTACATGCAGCTCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTACTGTGCGCAGATCTACTATGCT
TACGACAAGGCTTACTGGGGCCAAGGACTCTGGTCACTGTCTCTGCA (SEQ ID NO: 31)
- [0236] 7-H14 경쇄 가변 영역
- [0237] GACATTGTGATGTCACTGTCTCCATCCTCCCTAGCTGTGTGTCAGTTGGAGAGAAGGTTACTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGCCTTTTATATAGTAGCCAT
CAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCGCTTC
ACAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTGTGAAGGCTGAAGACCTGGCAGTTTATTACTGTGCAAGATATTATAGCTGGACGTTCT
GGTGGAGGCACCAAGCTGGAAATCAAA (SEQ ID NO: 32)

- [0238] 6-B21 중쇄 가변 영역
- [0239] GAGGTCCAGCTGCAACAATCTGGACCTGAGCTGGTGAAGCCTGGGGCTTCAGTGAAGATATCCTGTAAGGCTTCTGGATACACGTTCACTGACTACTACATG
AACTGGGTGAAGCAGAGCCATGGAAAGAGCCTTGAGTGGATTGGAGATTAATCCTCACAATGGTGGTACTAGCTTCATCCAGAAGTTCAAGGGCAAGGCC
ACATTGACTGTAGACAAGTCCTCCAGCAGCCTACATGGAGCTCCGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTATTGTGCCCTCTGGGACGAAAG
GAGGGGTTTGCTTACTGGGGCCAAGGACTCTGGTCACTGTCTCTGCA (SEQ ID NO: 33)
- [0240] 6-B21 경쇄 가변 영역
- [0241] GACACTGTGCTGACACAGTCTCCTGCTTCCTTAGTTGTATCTCTGGGGCAGAGGGCCACCATCTCATGCAGGGCCAGCAAAAGTGTAGTACATCTGGCTAT
AGTTATATGCACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGCCACCCAACTCCTCATCTATCTTGCATCCAACCTAGAATCTGGGGTCCCTGCCAGGTTCACTGGC
AGTGGGTCTGGGACAGCCTTCACCTCAACATCCATCCTGTGGAGGAGGAGGATGCTGCAACCTATTACTGTGACACAGTAGGGAGCTTCCGTACACGTTT
GGAGGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA (SEQ ID NO: 34)
- [0242] 10-F23 중쇄 가변 영역
- [0243] CAGGTTACTCTGAAAGAGTCTGGCCCTGGGATATTGCAGCCCTCCCAGACCCTCAGTCTGACTTGTCTTTCTCTGGGTTTTCACTGAGCACTTTTGTCTATG
GGTGTAGGCTGGATTTCGTGAGCCTTCAGGGAAGGGTCTGGAGTGGCTGGCACACATTGGTGGGATGATGATAAGTACTATAACCCAGCCCTGAAGAGCCGG
CTCACAATCTCCAAGGATACCTCAAAAACCATGTATTCTCAAGATCGCCAATGTGGACACTGCAGATACTGCCACATACTACTGTGCTCGAATGCCGCTA
ACTTTCTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACCACTCTCACAGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 35)
- [0244] 10-F23 경쇄 가변 영역
- [0245] GATGTTTTGCTGACCCAACTCCACTCTCCCTGCCTGTGAGTCTTGGAGATCAAGCCTCCATCTCTTGCAGATCTAGTCAGAGCATTGTACATAGTAATGGA
CACACCTATTTAGAATGGTACCTGCAGAAACCAGGCCAGTCTCCAAAGCTCCTGATCTACAAAGTTTCCAACCGATTTTCTGGGGTCCCAGACAGGTTCACT
GGCAGTGGATCAGGGACAGATTTCACTCAAGATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATCTGGGAGTTTATTACTGCTTTCAAGGTTACATGTTCCGTTACG
TTCGGAGGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA (SEQ ID NO: 36)
- [0246] 6-A12 중쇄 가변 영역
- [0247] CAGGTTACTCTGAAAGAGTCTGGCCCTGGGATATTGCAGCCCTCCCAGACCCTCAGTCTGACTTGTCTTTCTCTGGGTTTTCACTGAGAACTTTTGTCTATG
GGTGTAGGCTGGATTTCGTGAGCCTTCAGGGAAGGGTCTGGAGTGGCTGGCACACATTGGTGGGATGATGATAAGTACTATAACCCAGCCCTGAAGAGCCGG
CTCACAATCTCCAAGGATACCTCAAAAACCATGTATTCTCAAGATCGCCAATGTGGACACTGCAGATACTGCCACATACTACTGTGCTCGAATGCCGCTA
ACTTTCTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACCACTCTCACAGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 37)
- [0248] 6-A12 경쇄 가변 영역
- [0249] GATGTTTTGATGACCCAACTCCACTCTCCCTGCCTGTGAGTCTTGGAGATCAAGCCTCCATCTCTTGTAGATCTAGTCAGAGCATTGTACATAGTAATGGA
AACACCTATTTAGAATGGTACCTGCAGAAACCAGGCCAGTCTCCAAAGCTCCTGATCTACAAAGTTTCCACCCGATTTTCTGGGGTCCCAGACAGGTTCACT
GGCAGTGGATCAGGGACAGATTTCACTCAAGATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATCTGGGAGTTTATTACTGCTTTCAAGGTTACATGTTCCGTTACG
TTCGGAGGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA (SEQ ID NO: 38)
- [0250] 6-M8 중쇄 가변 영역
- [0251] CAGGTCCAATGCAGCAGCCTGGGGCTGAACCTTGTGATGCCTGGGGCTTCAGTGAAGCTGTCTGCAAGGCTTCTGGCTACACCTTCACCAACTACTGGATG
CACTGGGTGAAACAGAGGCTGGACAAGGCCTTGAGTGGATCGGAGAGATTGATCCTTCTGATAGTTATACTAACTACAATCAAAAGTTCAAGGGCAAGGCC
ACATTGACTGTAGACAAATCCTCCAGCAGCCTACATGCAGCTCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTACTGTACAAGACAGGGTAGTACC
TACGCGTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 39)
- [0252] 6-M8 경쇄 가변 영역
- [0253] GATATTGTGATGACGCAGGCTGCATTCTCCAATCCAGTCACTCTTGAACATCAGCTTCCATCTCCTGCAGGTCTAGTAAGAGTCTCCTACATAGTAATGGC
ATCACTTATTGTATTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGTCTCCTCAGTCTCTGATTATCAGATGTCCAACCTTGCCTCAGGAGTCCCAGACAGGTTCACT
AGCAGTGGGTGAGGAAGTATTCACTGAGAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATGTGGGTGTTTATTACTGTGCTCAAAATCTAGAACTTCTCCGACG
TTCGGTGGAGGCACCAAGCTGGAAATCAAA (SEQ ID NO: 40)
- [0254] 2-A3 중쇄 가변 영역
- [0255] GAGGTCCAGCTGCAACAATCTGGACCTGAGCTGGTGAAGCCTGGGGCTTCAGTGAAGATGTCTGTAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTACTACATG
ATGTGGGTGAAGCAGAGTCATGGAAAGAGCCTTGAGTGGATTGGAGATTAATCCTTACAATGGTGGTTCTAGCTACAACCCGAAGTTCAAGGGCAGGGCC

ACATTGACTGTAGACAAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGCTCAACAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAGGGACTTACTGG
GGCCAAGGGACTCTGGTCACTGTCTCTGCA (SEQ ID NO: 41)

[0256] 2-A3 경쇄 가변 영역

[0257] GATGTTGTGATGACCCAGACTCCACTCACTTTGTTCGGTTACCATTTGGACAACCAGCCTCCATCTCTTGCAAGTCAAGTCAGAGCCTCTTAGATAGTGCTGGA
AAGACATATTTGAATTGGTTGTTACAGAGGCCAGGCCAGTCTCCAAAGCGCCTAATGTATCTGGTGTCTAAACTGGACTCTGGAGTCCCTGACAGGTTCACT
GGCAGCGGATCAGGGACAGATTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATTTGGGAGTTTATTATTGCTGGCAAGGTACACATTTCCGTACACG
TTCGGAGGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA (SEQ ID NO: 42)

[0258] 6-017 중쇄 가변 영역

[0259] CAGGTCCAATGCAGCAGCCTGGGGCTGAGCTTGTGAAGCCTGGGGCTTCAGTGAAGTTGTCTGCAAGGCTTCTGGCTACACCTTCACCAGCTACTGGATG
CACTGGATAAAGCAGAGACCTGGACAAGGCCTTGAGTGGATTGGAGAGATTAACCCTAGCAATGGTGGTTCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGAGCAAGGCC
ACACTGACTGTAGACAAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCGGTCTATCACTGTAAAAGCAGAGGCTACTGG
GGCCAAGGCACCACTCTCACAGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 43)

[0260] 6-017 경쇄 가변 영역

[0261] GATGTTGTGATGACCCAGACTCCACTCACTTTGTTCGGTTACCATTTGGACAACCAGCCTCCATCTCTTGCAAGTCAAGTCAGAGCCTCTTAGATAGTTATGGA
AAGACATATTTGAATTGGTTGTTACAGCGGCCAGGCCAGTCTCCAAAGCGCCTAATCTATCTGGTGTCTAAATTGGACTCTGGAGTCCCTGACAGGTTCACT
GGCAGTGGATCAGGGACAGATTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATTTGGGAATTTATTATTGCTGGCAAGGTACACATTTTCTCTCACAG
TTCGGCTCGGGGACAAAGTTGGAAATAAAA (SEQ ID NO: 44)

[0262] 3-G5 중쇄 가변 영역

[0263] CAGGTTCACTGCAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGCGAGGCTGGGGCTTCAGTGAAGTGTCTGCAAGGCTTCTGGCTACACCTTCACAAGCTATGGTATA
AGCTGGGTGAAACAGAGAACTGGACAGGGCCTTGAGTGGATTGGAGAGATTTTCTAGAAAGTAGTAATACTTACTATAATGAGAAGTTCAAGGGCAAGGCC
ACACTGACTGCAGACAAGTCCTCCAGCACAGTGTACATGGAGTTCCGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGAGAGGGGGCCTG
GCCTGGTTTGCTTACTGGGGCAAGGACTCTGGTCACTGTCTCTGCA (SEQ ID NO: 45)

[0264] 3-G5 경쇄 가변 영역

[0265] GATGTTGTGATGACCCAGACTCCACTCACTTTGTTCGGTTACCATTTGGACAACCAGCTTCCATCTCTTGCAAGTCAAGTCAGAGCCTCTTATATACTAATGGA
AACACCTATTTGAATTGGTTATTACAGAGGCCAGGCCAGTCTCCAAAACGCCTAATCTATCTGGTGTCTAAATTGGACTCTGGAATCCCTGACAGGTTCACT
GGCAGTGGATCAGGGACAGATTTACACTGAGAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATTTGGGAGTTTATTACTGCTTGCAAGTACACATTTTCCATTACG
TTCGGCTCGGGGACAAAGTTGGAAATAAAA (SEQ ID NO: 46)

[0266] 6-A15 중쇄 가변 영역

[0267] GAGGTCCAGCTGCAACAATCTGGACCTGAGCTGGTGAAGCCTGGGGCTTCAGTGAAGATGTCTGTAAGGCTTCTGGATACACAATCACTGACTACTACATG
ATGTGGTTGAAGCAGAGTCATGAAAGAGCCTTGAATGGATTGGAGATTAATCCTTACACTGGTGGTACTAGCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCAAGGCC
ACATTGACTGTAGACAAATCCTCCAGCACAGCCTACCTGCAGCTCCACAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAGGGGCTACTGG
GGCCAAGGCACCACTCTCACAGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 47)

[0268] 6-A15 경쇄 가변 영역

[0269] GATGTTGTGATGACCCAGACTCCACTCACTTTGTTCGGTTACCATTTGGACAACCAGCCTCCATCTCTTGCAAGTCAAGTCAGAGCCTCTTAGATAGTGATGGA
AAGACATATTTGAATTGGTTGTTACAGAGGCCAGGCCAGTCTCCAAAGCGCCTAATCTATCTGGTGTCTAAACTGGACTCTGGAGTCCCTGACAGGTTCACT
GGCAGTGGATCAGGGACAGATTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATTTGGGAGTTTATTATTGCTGGCAAGGTACACATTTTCCGTACACG
TTCGGAGGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA (SEQ ID NO: 48)

[0270] 10-K10 중쇄 가변 영역

[0271] GAGGTCCAGCTGCAACAATCTGGACCTGAGCTGGTGAAGCCTGGGGCTTCAGTGAAGATGTCTGTAAGGCTTCTGGATACACAATCACTGACTACTACATG
ATGTGGTTGAAGCAGAGTCATGAAAGAGCCTTGAATGGATTGGAGATTAATCCTTACACTGGTGGTACTAGCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCAAGGCC
ACATTGACTGTAGACAAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGCTCAACAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAGGGGCTACTGG
GGCCAAGGCACCACTCTCACAGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 49)

[0272] 10-K10 경쇄 가변 영역

- [0273] GATGTTGTGATGACCCAGACTCCACTCACTTTGTTCGGTTACCATTGGACAACCAGCCTCCATCTCTTGCAAGTCAAGTCAGAGCCTCTTAGATAGTGATGGA
AAGACATATTTGAATTGGTTGTTACAGAGGCCAGGCCAGTCTCCAAAGCGCCTAATCTATCTGGTGTCTAAACTGGACTCTGGAGTCCCTGACAGGTTCACT
GGCAGTGGATCAGGGACAGATTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATTTGGGAGTTATTATTGCTGGCAAGGTACACATTTCCGTACACG
TTCGGAGGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA (SEQ ID NO: 50)
- [0274] 6-P20 중쇄 가변 영역
- [0275] GAGGTCCAGCTGCAACAATCTGGACCTGAGCTGGTGAAGCCTGGGGCTTCAGTGAAGATATCCTGTAAGGCTTCTGGATACACGTTCACTGACTACTACATG
AACTGGGTGAAGCAGAGCCATGGCAGGAGCCTTGAGTTGATTGGAGATATTAATCCTAACAATGGTGGTTCTAACTTCAACCAGAAGTTCAGGGGCAAGGCC
ACATTGACTGTAGACAAGTCCTCCAGCACAGCCTATATGGAGCTCCGACGCTGACATCTGAGGACTCTGCAATCTATTACTGTGCAAGAATGGGTTACTGG
GGCCAAGGACTCTGGTCACTGTCTCTGCA (SEQ ID NO: 51)
- [0276] 6-P20 경쇄 가변 영역
- [0277] GATGTTGTGATGACCCAGACTCCACTCACTTTGTTCGGTTACCATTGGACAACCAGCCTCCATCTCTTGCAAGTCAAGTCAGAGCCTCTTACATAGTGATGGA
AAGACATATTTGAATTGGATGTTCCAGAGGCCAGGCCAGTCTCCAAAGCGCCTAATCTATCTGGTGTCTAAACTGGACTCTGGAGTCCCTTACAGGTTCACT
GGCGGTGGATCAGGGACAGATTTACACTGCAAATCAGCAGAGTGGAGACTGAGGATTTGGGAGTTATTATTGCTGGCAAGGTACACATTTCCCTCGGACG
TTCGGTGGAGGCACCAAGCTGGAAATCAAA (SEQ ID NO: 52)
- [0278] 7-08 중쇄 가변 영역
- [0279] GAGGTCCAGCTGCAGCAGTCTGGACCTGAACTGGTCAAGCCTGGGGCTTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTACTACATA
CACTGGGTGAAGCAGAAGCCTGGGCAGGGCCTTGAGTACATTGGAGAGATTTATCCTGGAAGTGGTAATACTTACTACAATGGGAAGTTCAGGGGCAAGGCC
ACACTGACTGCAGACAAGTCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGCTCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCAGTCTATTTCTGTGGTAGTGGCTACTTTGAC
TACTGGGGCAAGGCACCACTCTCACAGTCTCCTCA (SEQ ID NO: 53)
- [0280] 7-08 경쇄 가변 영역
- [0281] GATGTTGTGATGACCCAGACTCCACTCACTTTGTCTGTTACCATTGGACAGCCAGCTTCCATTTCTTGCAAGTCAAGTCAGAGCCTCTTATATAGTAATGGA
AAAACCTATTTGAATTGGTTATTACAGAGTCCAGGCCAGTCTCCAAAGCTCCTAATCTATCTGGTGTCTAAACTGGAATCTGGAGTCCCTGACAGATTCAGT
GGCAGTGGATCAGGGACAGATTTTACACTGAAACTCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATTTGGGAGTATATTACTGCGTGAAGGTACACATTTCCATTACAG
TTCGGCTCGGGGACAAAGTTGGAAATAAAA (SEQ ID NO: 54)
- [0282] 토끼 mAb 서열
- [0283] A11B1_16G7 중쇄
- [0284] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGTTCAAAGGTGTCCAGTGTGTCAGGAGCAACTGGTGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGG
GCATCCCTGACACTCACCTGCACAGCCTCTGGATTCTCCTTCAATAAGAATTATTGGATGTGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATC
GGATGCATTTATAATGGTGATGGCAACATACTACGCGAGCTGGGTGAATGGCCGATTCAACATCTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTGAATCTGCAATG
ACCAGTCTGACAGTCGCGGACACGGCCATCTATTCTGTGCGAGACTACTTAATATGTGGGGCCAGGCACCCTGGTCAACCGTCTCCTCAGGGCAACCTAAG
GCTCCATCAGTCTTCCCCTGCTGCGGGGACACACCCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTGGTCAAAGGCTACCTCCCGAGCCAGTGAAC
GTGACCTGGAATCGGGACCCCTACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCGCGCAGTCTCAGGCCTCTACTCGCTGAGCAGCGTGGTGAGCGTGACC
TCAAGCAGCCAGCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAGTGGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGCAGCAAGCCCATGTGCCCA
CCCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTCATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCCCTCATGATCTCACGACCCCCGAGGTACATGCGTGGTGGTG
GACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGACATGGTACATAAAACAAGCAGGTGCGCACCGCCCGCCGCTACGGGAGCAGCAGTTCAACAGC
ACGATCCGCGTGGTCAACCCCTCCCATCGCGACCCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGGCCCCATC
GAGAAAACCATCTCCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGTGAGCAGCAGGTGCGTCAAGCTGACC
TGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAAGCGGAAGGCAGAGGACAACATAAGACCACGCCGACCGTGGACAGC
GACGGCTCCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTCACTGCTCCGTGATGCACGAGGCTTGCACAAC
CACTACACGCAGAAGTCCATCTCCCGTCTCCGG GTAAATAG (SEQ ID NO: 55)
- [0285] A11B1_16G7 경쇄
- [0286] ATGGACACGAGGGCCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTACTGCTCTGGCTCCAGGTGCCAGATGTGCTGACATTGTGATGACCCAGACTCCAGCCTCCGTG
GAGGCAGCTGTGGGAGGCACAGTCAACATCAAGTGCCAGGCCAGTGAGAGCATTGGCAATGCATTAGCCTGGTATCAGCAGAAACAGGGCAGCCTCCCAAG
CTCCTGATCTATACTGCAGCCACTCTGGCATCTGGGGTCCCATCGCGGTTCAAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCAACATCAGTGGCGTGCAG
TGTGACGATGCTGCCACTTACTACTGTCAAAGCTATTATTTACTAGTGTAGTAGTTATGGCAATGCTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGT

GATCCAGTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAACTTTCCCGAT
GTCACCGTCACTGGGAGGTGGATGGCACCACCCAAACAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACTCAGCAGC
ACTCTGACACTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGAC
TGTTAG (SEQ ID NO: 56)

[0287] A11B1_16E10 중쇄

[0288] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGTCAGTCGTTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGGGCA
TCCCTGACACTACCTGCAGAGTCTCTGATTCTCCTTCAGTAGCAGTTATTATATGTGTTGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAATGGATCGCA
TGTATTGGTACTACTCGTGGTAGCACTTACTACGCGACCTGGGCGAAAGGCCGATTACCATTTCTAAAACTCTCGTCGACCACGGTGACTCTACAAATGACC
AGTCTGACAGACGGGACACGGCCACCTATTCTGTGCGAGAGATGCTACTGGTTATAGGATTAACACGATTGGCCTCTATTTTAATTTGTGGGGCCAGGC
ACCCTGGTCAACGCTCTCCTCAGGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCCACTGGCCCCCTGCTGCGGGGACACACCCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGC
CTGGTCAAAGGCTACCTCCCGGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGGCACCCCTACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGC
CTCTACTCGTGTGACGAGCGTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAGTGACAAGACCGTT
GCGCCCTCGACATGCAGCAAGCCATGTGCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTCATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATC
TCACGCAACCCCGAGGTCACATGCGTGGTGGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCAGTTACATGGTACATAAAACACGAGCAGGTGCGCACCCGCC
CGGCCCGCGTACGGGAGCAGAGTTAACAGCAGCATCCGCGTGGTACGACCCCTCCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGC
AAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGGGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGG
GAGGAGCTGAGCAGCAGGTGCGTGCAGCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGAC
AACTACAAGACCACGCCACCGTGTGGACAGCGACGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTC
ACCTGCTCCGTGATGCACGAGGCCTTGACACAACCACTACACGCAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGTAAATAG (SEQ ID NO: 57)

[0289] A11B1_16E10 경쇄

[0290] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCAGGTGCCAGATGTGCGTTTGAATTGACCCAGACTCCATCTCCGTGGAG
GCTGCTGTGGGAGGCACGCCCACCATCAAGTGCCAGGCCAGTCAGACCATTTACAGTTACTTATCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCCAAGCTC
CTGATCTATGAAGCGTCCAACTGGCCTCTGGGGTCCCATCGCGGTTACGCGCAGTGAGTCTGGGACAGACTACACTCTCACCATCAGCGACCTGGAGTGT
GCCGATGCTGCCACTTACTACTGTCAAAGCTATCATGGTACTGTAGTACTGAATATAATACTTTTCGCGGGGGGACCGAGGTGGTGGTGCAGAGGTGATCCA
GTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCCACAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTACCC
GTCACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCCAAACAACCTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACTCTG
ACACTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGCAGCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGTTAG
(SEQ ID NO: 58)

[0291] A11B1_15G10 중쇄

[0292] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGTCAGCAGCAGCTGGTGGAGTCCGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGGG
GCAGCCCTGACATTACCTGCACAGCCTCTGGATTCTCCTTCAGTGGCAATTATTGGATATGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGTGGAGTGGATC
GCGTGCAATTGGTACTATTACTAGTAGACATACTACGCGAGCTGGGCGAAAGGCCGATTACCATTTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTGACTCTGCAATG
ACCAGTCTGACAGCCGCGGACACGGCCACGTATTTCTGTGCGAGAGGTGCGGTTGTAGTAGTGGTAATGCTCCCTACTACTTTACCTTGTGGGGCCAGGC
ACCCTGGTCAACGCTCTCCTCAGGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCCACTGGCCCCCTGCTGCGGGGACACACCCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGC
CTGGTCAAAGGCTACCTCCCGGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGGCACCCCTACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGC
CTCTACTCGTGTGAGCAGCGTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAGTGACAAGACCGTT
GCGCCCTCGACATGCAGCAAGCCATGTGCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTCATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATC
TCACGCAACCCCGAGGTCACATGCGTGGTGGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCAGTTACATGGTACATAAAACACGAGCAGGTGCGCACCCGCC
CGGCCCGCGTACGGGAGCAGAGTTAACAGCAGCATCCGCGTGGTACGACCCCTCCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGC
AAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGGGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGG
GAGGAGCTGAGCAGCAGGTGCGTGCAGCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGAC
AACTACAAGACCACGCCACCGTGTGGACAGCGACGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTC
ACCTGCTCCGTGATGCACGAGGCCTTGACACAACCACTACACGCAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGTAAATAG (SEQ ID NO: 59)

[0293] A11B1_15G10 경쇄

[0294] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCAGGTGCCAGATGTGCATTGCAATTGACGCAGACTCCATCTCCGTGGAG
GCAGCTGTGGGAGGCACAGTACCATCAAGTGCCAGGCCAGTCAGAGCATTAGTAGTTACTTATCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCCAAGCTC
CTGATCTACAGGGCATCCACTCTGGAATCTGGGGTCCCATCGCGGTTTAAAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCGACCTGGAGTGT

GCCGATGCTGCCACTTACTTCTGTCAAAGCTATTATGGTGTACTTTTAGTGGTTTTGCTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGTGATCCAGTT
GCACCTACTGTCTCATCTTCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTCACCGTC
ACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCAAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACTCTGACA
CTGACCAGCACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGTTAG
(SEQ ID NO: 60)

[0295] A11B1_14H1 중쇄

[0296] ATGGAGACTGGGCTGCGTGGCTTCTCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGTCAGTCGTTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGGGCA
TCCCTGACACTCACCTGCAAAGCCTCTGGAATCGACTTCAATACTATTGGATAACCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATCGCATGC
ATTTATGTTGGAATTACCGGCCGACATGGTACGCGAACTGGGCGAAAGGCCGATTACCATCTCCAAGGCCTCGAGCACGGTGGATCTGAAAATGACCAGT
CTGACAGCCGCGGACACGGCCACCTATTCTGTGCGAGGAATGGTGTGTTATGCTCTTAACCTGTGGGGCCAGGCACCTGGTCCACCGTCTCC
TCAGGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCCACTGGCCCCCTGCTGCGGGGACACACCCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTGGTCAAAGGCTACCTC
CCGGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGGCACCTCACCATAGGGGTACGACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCCCTCAGGCCTCTACTCGCTGAGCAGC
GTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAAGTGGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGCAGC
AAGCCCATGTGCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGCTGTCTTACCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCAGCACCCCGAGGTC
ACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCACTTACATGGTACATAAAACACGAGCAGGTGCGCACCCGCGCCGCGCTACGGGAG
CAGCAGTTCAACAGCAGATCCGCGTGGTACGACCCCTCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAGGCA
CTCCCGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGCAGCAGG
TCGGTCAGCCTGACCTGCATGATCAACGGCTTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACCTACAAGACCACGCCG
ACCGTGCTGGACAGCGACGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTACCTGCTCCGTGATGCAC
GAGGCCTTGACAACCACTACACGCAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 61)

[0297] A11B1_14H1 경쇄

[0298] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTGTGCTCTGGCTCCAGGTGCCACATTTGCACAAGTGCTGACCCAGACTGCATCGTCCGTGTCT
GCAGCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAGTTGCCAGTCCAGTCAGAGTGTATAATAATAATTGGTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACAGGGCAGCCTCCC
AAGCTCTGATCTACAGGCATCCACTCTGACATCTGGGGTCCCATCGCGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACACAGTTACTCTCACCATCAGCGACCTG
GAGTGTGACGATGTGCCACTTACTACTGTGCGAGCGGTATAGTGGTAATATTACGTAATGATTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGTGAT
CCAGTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTC
ACCGTCACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCAAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACT
CTGACACTGACCAGCACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGCAGCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGT
TAG (SEQ ID NO: 62)

[0299] A11B1_13G4 중쇄

[0300] ATGGAGACTGGGCTGCGTGGCTTCTCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGTCAGGAGCAGCTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGG
GGATCCCTGACACTCACCTGCAAAGCCTCTGGATTCTCCTTCACTAGTAATACCTACTGGGCATGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATC
GCATGCATGAATCTGTAGTAGTGGTAGCTTACTACGCGAGCTGGGCGAAAGGCCGATTACCATCTCCAAAACCTCGTCGACCAACGGTGACTCTGCAC
ATGCCAGTCTGACAGCCGCGGACACGGCCACCTATTTCTGTGCGAAATGGGATACTGCTTTCGATGTGTGGGGCCAGGCACCTGGTCAACGCTCTCTCA
GGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCACTGGCCCCCTGCTGCGGGGACACACCCAGTCCACGGTGACCTGGGTGCTGGTCAAAGGCTACCTCCCG
GAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGGCACCTCACCATAGGGGTACGACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCCCTACTCGCTGAGCAGCGTG
GTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAAGTGGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGCAGCAAG
CCCATGTGCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTCACTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCAGCACCCCGAGGTCA
TGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCACTTACATGGTACATAAAACACGAGCAGGTGCGCACCCGCGCCGCTACGGGAGCAG
CAGTTCAACAGCAGATCCGCGTGGTACGACCCCTCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAGGCACTC
CCGGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGCAGCAGGTG
GTCAGCCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACCTACAAGACCACGCCGACC
GTGCTGGACAGCGACGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTACCTGCTCCGTGATGCACGAG
GCCTTGACAACCACTACACGCAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 63)

[0301] A11B1_13G4 경쇄

[0302] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTGTGCTCTGGCTCCAGGTGCCAGATGTGCCGATGTTGTGATGACCCAGACTCCATCTCCGTG
GAGGCAGCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAAGTGCCAGGCCAGTCAGAGCATTAGTAGCTACTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACAGGGCAGCCTCCCAAG

CTCCTGATCTATGGTGCATCCAATCTGGAGTCTGGGGTCCCATCGCGGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTACACTCTCACCATCAGCGGCGTGCAG
TGTGACGATGCTGCCACTTACTACTGTCAAAACTATTATGCTATTGATACTTATGGTCATGCTTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGTGATCCA
GTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTACC
GTCACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCAAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACTCTG
AACTGACCAGCACAGTACAACAGCCACAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGTTAG
(SEQ ID NO: 64)

[0303] A11B1_13C3 중쇄

[0304] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGAGGAGCAGCTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGG
GCATCCCTGACACTCACCTGCACAGCCTCTGGATTCTCCTTTAGTAGCAACTATCACATCTGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGGCTGGAGTTGATC
GCATGCATTTATGTTGGTGATGGCAGCACATACTACGCGAGCTGGGCGAAAGGCCGATTACCATCTCCAATCCTCGTCGACCACGGTAGCTCTGCAATG
ACCAGTCTGACAGCCGCGGACACGGCCACCTATTTCTGTGGGAGAATGTTTAACTTGTGGGGCCAGGCACCTGGTCACCGTCTCTCAGGGCAACCTAAG
GCTCCATCAGTCTTCCCCTGCGCCCTGCTGCGGGGACACACCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCGTGGTCAAAGGCTACCTCCCGAGCCAGTGACC
GTGACCTGGAACCTCGGGCACCCTACCAATGGGGTACGACCTTCCCGTCCGTCGGCAGTCTCAGGCCTCTACTCGCTGAGCAGCGTGGTGAGCGTGACC
TCAAGCAGCCAGCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAGTGGACAAGACCGTTGCGCCTCGACATGCAGCAAGCCCATGTGCCCA
CCCCTGAATCCCGGGGGACCGTCTGTCTTCATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCACGACCCCGAGGTACATGCGTGGTGGTG
GACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGACGTTACATGTTACATAAAACAGCAGGTGCGCACCGCCCGGCCGCTACGGGAGCAGCAGTTCAACAGC
ACGATCCGCGTGGTCAGCACCTCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGGCCCCATC
GAGAAAACCATCTCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGCAGCAGGTGCGTCAGCCTGACC
TGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACATAAGACCACGCCGACCGTGTGGACAGC
GACGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTCACTGCTCCGTGATGCACGAGGCCTTGACAAAC
CACTACACGAGAAGTCCATCTCCGCTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 65)

[0305] A11B1_13C3 경쇄

[0306] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGTGTGCTGGGGCTCCTGTGCTCTGGCTCCAGGTGCCATATGTGACCTGTGCTGACCCAGACTCCATCCTCCGTGTCT
GCGGTGTGGGAGTCACAGTCACCATCAACTGCCAGTCCAGTCCGAGTGTATAGTAACACTTATCCTGGTATCAGCAGAAACAGGGCAGCCTCCCAAG
CTCCTCATCTATCTGGCATCTACTCTGGCATCTGGGGTCCCATCGCGGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACACAGTTCCTCTCACCATCAGCGACGTGCAG
TGTGACGATGCTGCCACTTACTACTGTGCAGGCACTTATAGTGGTAATATTTGGTCTTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGTGATCCAGTTGCA
CCTACTGTCTCATCTTCCCACCAGCTGTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTACCGTCACC
TGGGAGGTGGATGGCACCACCAAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACTCTGACACTG
ACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGTTAG (SEQ
ID NO: 66)

[0307] A11B1_12F2 중쇄

[0308] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGAGCAGCAGCTGGTGGAGTCCGGGGGAGGCTGGTCAAGCCTGGG
GCATCCCTGACACTCACCTGCACAGCCTCTGGATTCTCCTTCAGTAGCGGTATCACATGTGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGATC
GCATGCTTTGGTGTTTATACTGTGTAACACTACCTACGCGAGCTGGGCGAAAGGTGCGATTACCATCTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTGACTCTACAATG
ACCAGTCTAACAGTCGCGGACACGGCCACCTATTTCTGTGCGAGAATCAGTGTGAAATGGTGGGACTGTGGGGCCAGGCACCTGGTCACCGTCTCC
TCAGGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCCCTGCCCCCTGCTGCGGGGACACCCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCTGGTCAAAGGTACCTC
CCGGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGGCACCCTACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCCTCTACTCGCTGAGCAGC
GTGGTGAGCGTGACCTAAGCAGCCAGCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAGTGGAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGCAGC
AAGCCCATGTGCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTCACTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCACGACCCCGAGGTG
ACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAGGATACCCGAGGTGACGTTACATGTTACATAAAACAGCAGGTGCGCACCGCCCGGCCGCGCTACGGGAG
CAGCAGTTCAACAGCAGATCCGCGTGGTCAGCACCTCCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAGTCCACAACAAGGCA
CTCCCGGCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGTGAGCAGCAGG
TCGGTCAGCCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACATAAGACCACGCCG
ACCGTGTGGACAGCAGCGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTCACTGCTCCGTGATGCAC
GAGGCCTTGACAACCACTACACGAGAAGTCCATCTCCGCTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 67)

[0309] A11B1_12F2 경쇄

[0310] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGTGTGCTGGGGCTCCTGTGCTCTGGCTCCAGGTGCCAGATGTGATGTTGTGATGACCCAGACTCCAGCCTCCGTGGAG

GCAGCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAAGTGCCAGGCCAGTCAGAGCATTAGCAACTACTTTTCTTGGTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCCAAGCTC
CTGATCTACAGGGCGTCCACTCTGGCATCTGGGGTCCCATCGCGGTTACGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCGACCTGGAGTGT
GCCGATTCTGCCACTTACTACTGTCACTGCACTTATGGTAGTAGTAGTACTGGTTTTGGTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGTGATCCAGTT
GCACCTACTGTCCCCATCTTCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTACCGTGC
ACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCAAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACTCTGACA
CTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGTTAG
(SEQ ID NO: 68)

[0311] A11B1_11D10 중쇄

[0312] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTCACTCGTTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGGGCA
TCCCTGACACTACCTGCATGGCCTCTGGAATCGACTTCAGTAGCGGTACGGCATGTGGTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGACTGGAGTATATCGGA
TACATTGATACTGGTGATGATAACACATACTACGCGAACTGGGCGAAAGGCCGATTACCATCTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTGACTCTGCAAATGACC
AGTCTGACAGTCGCGGACACGGCCACCTATTCTGTGCGAAAGGGGGGCCATAGACCTCTGGGGCCAGGGACCTCGTACCGTCTCTTACGGGCAACCT
AAGGTCCATCAGTCTTCCACTGGCCCCCTGTGCGGGGACACACCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTGGTCAAAGGCTACCTCCCGAGGCCAGTG
ACCGTGACCTGGAACCTCGGGCACCTCACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCCTCTACTCGTGTAGCAGCGTGGTGAGCGTG
ACCTCAAGCAGCCAGCCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAGTGGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGCAGCAAGCCCATGTGC
CCACCCCTGAACCTCCGGGGGGACCGTCTGTCTTCATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCAGCACCCCGAGGTACATGCGTGGTG
GTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCAGTTCACATGGTACATAAAACAACGAGCAGGTGCGCACCCCGCCGCGCGCTACGGGAGCAGCAGTTC AAC
AGCAGCATCCGCGTGGTGCAGACCTCCCCATCGCGCACCAGGACTGGTGTAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGGCCCC
ATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGCAGCAGGTGCGTCAGCCTG
ACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAAGCGGAAGGCAGAGGACAACCTACAAGACCACGCCGACCGTGTGGAC
AGCGACGGCTCCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTCACTGTCCGTGATGCACGAGGCCCTTGAC
AACCCTACACGAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGGTAATAG (SEQ ID NO: 69)

[0313] A11B1_11D10 경쇄

[0314] ATGGACACGAGGGCCCCCACTCAGTGTGGGACTCCTACTGCTCTGGCTCCCAGGTGCCAGATGTGCTGACATTGTGATGACCCAGACTCCAGCCTCCGTG
GAGGCAGCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAAGTGCCAGGCCAGTCAGAGCATTAGTAGTTACTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCGTCCCAAG
CTCCTGATCTACAGGCATCCACTCTAAAATCTGGGGTCCCATCGCGGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTACACTCTCACCATCAGCGACCTGGAG
TGTGCCGATGCTGCCACTTATTATTGTCAAGCGTATTATCTTAGTAGTAGTATCAGTTATGGTAATACTTTCCGGCGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGT
GATCCAGTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGAT
GTCACCGTCACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCAAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGC
ACTCTGACACTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGAC
TGTTAG (SEQ ID NO: 70)

[0315] A11B1_10F9 중쇄

[0316] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTCACTCGTTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGGGCG
TCCCTGACACTACCTGCACAGCCTCTGGATTCTCCCTCAGTAGCGGTATGGCATGTGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATCGGA
TACACTGATACTGCTACTGGTACCATTCACTACGCGAGCTGGGCGAAAGGCCGATTACCATCTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTGACTCTGCAAATGACC
AGTCTGACAGCCGCGGACACGGCCACCTATTCTGTGCGAAAGGGGGGCCATGGACCTCTGGGGCCAGGGACCTCGTACCGTCTCTTACGGGCAACCT
AAGGTCCATCAGTCTTCCACTGGCCCCCTGTGCGGGGACACACCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTGGTCAAAGGCTACCTCCCGAGGCCAGTG
ACCGTGACCTGGAACCTCGGGCACCTCACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCCTCTACTCGTGTAGCAGCGTGGTGAGCGTG
ACCTCAAGCAGCCAGCCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAGTGGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGCAGCAAGCCCATGTGC
CCACCCCTGAACCTCCGGGGGGACCGTCTGTCTTCATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCAGCACCCCGAGGTACATGCGTGGTG
GTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCAGTTCACATGGTACATAAAACAACGAGCAGGTGCGCACCCCGCCGCGCGCTACGGGAGCAGCAGTTC AAC
AGCAGCATCCGCGTGGTGCAGACCTCCCCATCGCGCACCAGGACTGGTGTAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGGCCCC
ATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGCAGCAGGTGCGTCAGCCTG
ACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAAGCGGAAGGCAGAGGACAACCTACAAGACCACGCCGACCGTGTGGAC
AGCGACGGCTCCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTCACTGTCCGTGATGCACGAGGCCCTTGAC
AACCCTACACGAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGGTAATAG (SEQ ID NO: 71)

[0317] A11B1_10F9 경쇄

- [0318] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTACTGCTCTGGCTCCCAGGTGCCAGATGTGCTGACATTGTGATGACCCAGACTCCAGCCTCCGTG
GAGGCAGCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAAGTGCCAGGCCAGTCAGAGCATTAGTAGCTACTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCCAAG
CTCCTGATCTACAGGACATCCACTCTGGCATCTGGGGTCCCATCGCGGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTACACTCTCACCATCAGCGACCTGGAG
TGTGCCGATGCTGCCACTTACTATTGTCAAAGCTATGCTTATAGTAGTAGTAGCAGTTATGGTAATGCTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGT
GATCCAGTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGAT
GTCACCGTCACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCCAAACAAGTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGC
ACTCTGACACTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCACGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGAC
TGTTAG (SEQ ID NO: 72)
- [0319] A11B1_7H12 중쇄
- [0320] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGTCAGTCGTTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGGGCA
TCCCTGACACTACCTGCACAGGCTCTGGAATCGACTTCAGTAGCAGTACTGGATATGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGCTGGAGTGGATCGCA
TGCATCGATGGTAGTGATGGTAACACTTACTACGCGAGCTGGGCGAGAGGCCGATTACCATCTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTGAAGTCTGCAAATGGCC
AGTCTGACAGCCGCGGACACGGCCACCTATTCTGTACGAGAGATCTCAGTTGTGGGGCCAGGCACCTGGTCACCGTCTCCTCAGGGCAACCTAAGGCT
CCATCAGTCTTCCACTGGCCCCCTGCTGCGGGGACACCCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTGGTCAAAGGCTACCTCCCGAGCCAGTGACCGTG
ACCTGGAACCTCGGGACCCCTACCAATGGGGTACGACCTTCCCGTCCGTCGCGCAGTCTCAGGCCTTACTCGTGAGCAGCGTGGTGAGCGTGACCTCA
AGCAGCCAGCCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACCAAGTGGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGCAGCAAGCCCATGTGCCACCC
CCTGAACTCCCGGGGGGACCGTCTGTCTTCATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCACGACCCCCGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAC
GTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCAGTTACATGGTACATAAACAACGAGCAGGTGCGCACCCGCGCGCGCGCTACGGGAGCAGCAGTTCAACAGCAGC
ATCCGCGTGGTCAGCACCTCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGCCCCCATCGAG
AAAACCATCTCCAAAGCCAGAGGGCAGCCCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGCAGCAGGTGCGTCAGCCTGACCTGC
ATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACCTACAAGACCACGCGGACCGTGTGACAGCGAC
GGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTCACCTGCTCCGTGATGCACGAGGCCCTGCACAACCCAC
TACACGAGAAGTCCATCTCCGCTCTCCGGTAAATAG (SEQ ID NO: 73)
- [0321] A11B1_7H12 경쇄
- [0322] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCCAGGTGCCAGATGTGCTGACATTGTGCTGACCCAGACTCCAGCCTCGGTG
TCTGCAGCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAACTGCCAGGCCAGTCAGAATGTTTATAGTAACAATGCCTTAGCCTGGCATCAGCAGAAACCAGGGCAGCGT
CCCAACCTCCTGATCTACAAGGCTTCCACTCTGGCATCTGGGGTCCCATCGCGGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACACAGTTTACTCTCACCATCAGCGAC
GTGCAGTGTGACGATGCTGCCACTTACTACTGTCTAGGCGAATTTAGTTGTAGTAGTGGTGATTGTTTGTGTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAA
GGTGATCCAGTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCC
GATGTACCGTCACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCCAAACAAGTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGC
AGCACTCTGACACTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCACGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGT
GACTGTTAG (SEQ ID NO: 74)
- [0323] A11B1_7G12 중쇄
- [0324] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGTCAGTCGTTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGGGCA
TCCCTGACACTACCTGCATGGCCTCTGGAATCGACTTCAGTAGCGGTACGGCATGTGGTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGACTGGAGTATATCGGA
TACATTGATACTGGTGATGATAACACATACTACGCGAAGTGGGCGAAAGGCCGATTACCATCTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTGAAGTCTGCAAATGACC
AGTCTGACAGTCGCGGACACGGCCACCTATTCTGTGCGAAAGGGGCGCCATAGACCTCTGGGGCCAGGGACCCCTCGTCACCGTCTCTCAGGGCAACCT
AAGGCTCCATCAGTCTTCCACTGGCCCCCTGCTGCGGGGACACACCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTGGTCAAAGGCTACCTCCCGAGCCAGTG
ACCGTGACCTGGAACCTCGGGACCCCTACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCGCGCAGTCTCAGGCCTTACTCGTGAGCAGCGTGGTGAGCGTG
ACCTCAAGCAGCCAGCCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACCAAGTGGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGCAGCAAGCCCATGTGC
CCACCCCTGAACCTCCGGGGGGACCGTCTGTCTTCATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCACGACCCCCGAGGTACATGCGTGGTG
GTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCAGTTACATGGTACATAAACAACGAGCAGGTGCGCACCCCGCGCGCGCTACGGGAGCAGCAGTTCAAC
AGCAGCATCCGCGTGGTCAGCACCTCCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGGGCCCC
ATCGAGAAAACATCTCCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGCAGCAGGTGCGTCAGCCTG
ACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACCTACAAGACCACGCGGACCGTGTGAC
AGCGACGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTCACCTGCTCCGTGATGCACGAGGCCCTTGAC
AACCCTACACGAGAAGTCCATCTCCGCTCTCCGGTAAATAG (SEQ ID NO: 75)

- [0325] A11B1_7G12 경쇄
- [0326] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGTGCTGGGACTCCTACTGCTCTGGCTCCCAGGTGCCAGATGTGCTGACATTGTGATGACCCAGACTCCAGCCTCCGTG
GAGGCAGCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAAGTGCCAGGCCAGTCAGAGCATTAGTAGTTACTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCGTCCCAAG
CTCCTGATCTACAGGGCATCCACTCTAAAATCTGGGGTCCCATCGCGGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTACACTCTCACCATCAGCGACCTGGAG
TGTGCCGATGCTGCCACTTATTATTGTCAAGCGTATTATCTTAGTAGTAGTATCAGTTATGGTAATACTTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGT
GATCCAGTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAATACTTTTCCCGAT
GTCACCGTCACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCCAAACAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGC
ACTCTGACACTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCACGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGAC
TGTTAG (SEQ ID NO: 76)
- [0327] A11B1_6G4 중쇄
- [0328] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGTCAGCAGCAGCTGGAGGAGTCCGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGGA
GGAACCTGACACTACCTGCAAAGCCTCTGGAGTCGCCCTCAATCCCTACTACTATATGTGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATC
GCATGCGTGGATGCTGATAGTAGTGGTAGCACTTACTACGCGAGCTGGGCGAAAGGCCGATTACCATCTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTGACTCTGAAA
ATGACCAGTCTGACAGCCGCGGACACGGCCACCTATTTCTGTGCGAGAGAATCGGTTGACTATAGTTCTGTTGGTATTGGCTATGTACATGGTACGGATGGC
TTGTGGGGCCAGGCACCTGGTCACCGTCTCCTCAGGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCCACTGGCCCCCTGTGCGGGGACACCCAGCTCCACG
GTGACCCTGGGCTGCCTGGTCAAAGGCTACCTCCCGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGGCACCTCACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTC
CGGACGTCTCAGGCCTTACTCGCTGAGCAGCGTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCCGTCACCTGCAACGTGGCCCCACCCAGCCACCAACACCAAA
GTGGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGCAGCAAGCCCATGTGCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTATCTTCCCCCAAAACCAAG
GACACCTCATGATCTCACGCACCCCGAGGTACATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCAGGATGACCCCGAGGTGACGTTACATGGTACATAAACAACAGAG
CAGGTGCGCACCGCCCGCCGCGCTACGGGAGCAGCAGTTCAACAGCAGATCCGCGTGGTCAGCACCTCCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGC
AAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCAAAGCCAGAGGGCAGCCCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACC
ATGGGCCCTCCCCGGGAGGAGCTGAGCAGCAGGTGCGTCAGCCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGTGGAGTGGGAGAAGAAC
GGGAAGGCAGAGGACAATAAGACCACGCCGACCGTGTGGACAGCGACGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAG
CGGGGCGACGTCTTACCTGTCTCGTGATGCACGAGGCCTTGACAACCACTACACGCAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO:
77)
- [0329] A11B1_6G4 경쇄
- [0330] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCCAGGTGCCAGATGTGCCGACATCGTGGTGACCCAGACTCCATCCTCCGTG
TCTGCAGCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAAGTGCCAGGCCAGTCAGAGCATTAGCAACTACTTTTCTTGGTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCCAAG
CTCCTGATCTACAGGGCTCCACTCTGGCATCTGGGGTCCCATCGCGGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCGACCTGGAG
TGTGCCGATGCTGCCACTTACTACTGTCAATGCACCTTACGGTAGAAGTAATAGTAATTTTTTTTATGGTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGT
GATCCAGTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAATACTTTTCCCGAT
GTCACCGTCACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCCAAACAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGC
ACTCTGACACTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCACGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGAC
TGTTAG (SEQ ID NO: 78)
- [0331] A11B1_6F9 중쇄
- [0332] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGTCAGTCGTTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGGGCC
TCCCTGACACTACCTGCACAGCCTCTGGATCCTCCTTCACTAGTACCTACTGGAATGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATCGCA
TGCATTAATGCTGGTAGTGGTACCCTTACTACGCGAGCTGGGGCGAAAGGCCGATTACCGTCTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTGACTCTGCAAATGACC
AGTCTGACAGCCGCGGACACGGCCACCTATTTCTGTACGAGAGATAGTGATGGTCGTTTTAGTAGTGGCTACTATTTTAACTGTGGGGCCAGGCACCTG
GTCACCGTCTCCTCAGGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCCACTGGCCCCCTGTGCGGGGACACACCCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTGGTC
AAAGGTACCTCCCGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGGCACCTCACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCCTCTAC
TCGCTGAGCAGCGTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCGTACCTGCAACGTGGGCCACCCAGCCACCAACACCAAAAGTGGAACAGACCGTTGCGCCC
TCGACATGCAGCAAGCCCATGTGCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCTATGATCTACGC
ACCCCGAGGTACATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCAGGATGACCCCGAGGTGACGTTACATGGTACATAAACAACAGAGCAGGTGCGCACCGCCCGGCCG
CCGCTACGGGAGCAGCAGTTCAACAGCAGATCCGCGTGGTCAGCACCTCCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTC
CACAACAAGGCACTCCCGGCCCCATCGAGAAAACCATCTCAAAGCCAGAGGGCAGCCCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCCGGGAGGAG
CTGAGCAGCAGGTGCGTCAGCCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGTGGAGTGGGAGAAGACGGGAAGGCAGAGGACAATACTAC
AAGACCACGCCGACCGTGTGGACAGCGACGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTACCTGC

TCCGTGATGCACGAGGCCTTGCACAACCACTACACGCAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 79)

[0333] A11B1_6F9 경쇄

[0334] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCAGGTGCCACATTGCCCCAAGTGCTGACCCAGACTGCATCCCCTGTGTCTGCAGCTGTGGGAGGCACAGTCAACATCAATTGTCACTCAGTCCAGTCAAGTGTATGATAACAACCTGGTAGCCTGGTATCAGCAAAACAGGGCAGCCTCCC
AAACTCTTGATCGACGATGCATCCAAATTGACATCTGGGGTCTCATCGCGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACGCAGTTCCTCTCACCATCAGCGGCGTG
CAGTGTGACGATGCTGCCACTTACTACTGTCAAGGCGCTTATTATAGTAGTGGTTGGTACTGGGCTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGTGAT
CCAGTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCAACATCGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTC
ACCGTCACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCCAAACAAGTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACT
CTGACACTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCACGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGT
TAG (SEQ ID NO: 80)

[0335] A11B1_6C7 중쇄

[0336] ATGGAGACTGGGCTGCGTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGACGAGCAGCTGGAGGAGTCCGGGGGAGGCTGGTCAAGCCTGGA
GGAACCCTGACACTACCTGCAAAGCCTCTGGAATCGACTTCAGTAGTACTACTACATGTGTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTTGATC
GTATGTATTTATACTAGTAGTGGTGGACATGGTACGCGAGCTGGGTGAATGGCCGACTCACCATCTCCAGAAGCACCAGCCTAAACACGTTGGATCTGAAA
ATGACCAGTCTGACAGCCGCGGACACGGCCACCTATTTCTGTGCCAGAGGGGTTTATTCTGGTAGTAGTATTATCCAACCTCGGTTGGATCTCTGGGGCCAG
GGCACCCTGGTCACCGTCTCCTTAGGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCCACTGGCCCCCTGCTGCGGGGACACACCCAGCTCCACGGTGACCCTGGGC
TGCCTGGTCAAAGGCTACCTCCCGGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGCACCCCTACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCA
GGCCTCTACTCGCTGAGCAGCGTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCGCTCAGTCAACGTTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAAGTGACAAGACC
GTTGCGCCCTCGACATGCAGCAAGCCCATGTGCCACCCCTGAACCTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCCCTCATG
ATCTCACGCACCCCGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCAGTTCACATGGTACATAAACAACGAGCAGGTGCGCACC
GCCCGCCCGCTACGGGAGCAGCAGTTCAACAGCAGATCCGCGTGGTACGACCCCTCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAG
TGCAAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGGCCCTCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAGAGGGCAGCCCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCC
CGGGAGGAGCTGAGCAGCAGGTGGTACGCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAG
GACAACTACAAGACCACGCCGACCGTGTGGACAGCGACGGTCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTC
TTCACCTGCTCCGTGATGCACGAGGCCTTGCACAACCACTACACGCAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 81)

[0337] A11B1_6C7 경쇄

[0338] ATGGACACGAGCACCCTCACTGCGCTCCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCACAGGTGCCAGATGTGCCATCGAGATGACCCAGTCTCCACCCTCCCTGTCTGCATCTGTGGGAGAACTGTGAGGATTAGGTGCCTGGCCAGTGAGGACATTTACAGTGGTATATCCTGGTACCAACAGAAGCCAGAGAAACCTCCTACACTC
CTGATCTCTGGTGCATCAATTTAGAATCTGGGGTCCCACCACGGTTCACTGGCGGTGGATCCGGGACAGATTACACCCTCACCATCGCGGCGGTGACGGCT
GAAGATGTTGCCACTACTACTGTCTAGGCGGTTATAGTTTCACTAGTACCGGTTTACTTTTGGAGCTGGCACCAAGGTGGAATCAAACGTGATCCAGTT
GCGCCTTCTGTCTCCTCTTCCCACCATCTAAGGAGGAGCTGACAACTGGAACAGCCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTACCGTCA
ACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCCAAACAAGTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACTCTGACA
CTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCACGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGTTAG
(SEQ ID NO: 82)

[0339] A11B1_6B6 중쇄

[0340] ATGGAGACTGGGCTGCGTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGACGAACATCTGGTGGAGTCCGGGGGAGGCTGGTCAAGCCTGGG
GCATCCCTGACACTACCTGCACAGCCTCTGGATTCTCCTTCACTACCGGTATCACATGTGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATC
GCATGTTTTGGTGTTTATACTAGTACCCTACCTACGCGAGCTGGGCGAAAGGTGATTCACCATCTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTACTCTACAAATG
ACCAGTCTAACAGTCGCGGACACGGCCACCTATTTCTGTGCGAGAATCAGTGTGAAGATGGTGGGGACTTGTGGGGCCAGGCACCTGGTCAACCGTCTCC
TCAGGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCCCTGCCCCCTGCTGCGGGGACACACCCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTGGTCAAAGGTACCTC
CCGGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGCACCCCTACCAATGGGTGACGACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCTCTACTCGTGAGCAGC
GTGGTGGAGGTGACCTCAAGCAGCCAGCCGTCACCTGCAACGTGGGCCACCCAGCCACCAACACCAAAGTGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGCAGC
AAGCCCATGTGCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCACGCACCCCGAGGTG
ACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGACGTTACATGGTACATAAACAACGAGCAGGTGCGCACCGCCCGCCGCTACCGGAG
CAGCAGTTCAACAGCAGATCCGCGTGGTACGACCCCTCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAGGCA
CTCCCGGCCCTCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGCAGCAGG
TCGGTCAGCCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACCTACAAGACCACGCCG

ACCGTGCTGGACAGCGACGGCTCCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTCACCTGCTCCGTGATGCAC
GAGGCCTTGACAACCACTACACGAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGTAAATAG (SEQ ID NO: 83)

[0341] A11B1_6B6 경쇄

[0342] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCAGGTGCCAGATGTGATGTTGTGATGACCCAGACTCCAGCCTCCGTGGAG
GCAGCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCACGTGCCAGGCCAGTCAGAGCATTAGCAACTACTTTTCTTGGTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCCAAGCTC
CTGATCTACAGGGCGTCCACTCTGGCATCTGGGGTCCCATCGCGGTTACAGCGCAGTGAGTCTGGGACACAGTTCACTCTCACCATCAGCGACCTGGAGTGT
GCCGATTCTGCCACTTACGCCTGTCAGTGCCTTATGGTAGTAGTAGTACTGGTTTGGTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGTGATCCAGTT
GCACCTACTGTCTCATCTTCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTACCCGTC
ACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCAAACTGGCATCGAGAACAGTAAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACTCTGACA
CTGACCAGCACACGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGCACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGTTAG
(SEQ ID NO: 84)

[0343] A11B1_5F7 중쇄

[0344] ATGGAGACTGGGCTGCGTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGAGTGTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGGGCA
TCCCTGACACTACCTGCAAAGCCTCTGGATTCTCCTTCAGTAGTTACTTCTGGATATGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGCTGGAGTGGAGCGCA
TGCATCTATGGTGATAGTAGTGGTAGTAGTTACTACGCGAGCTGGGCGAAAGGCCGATTACCATCTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTGACTCTGCAAATG
ACCAGTCTGACAGCCGCGGACACGGCCACCTATTTCTGTGCGAGTTATGGTAGTAGTAGTTATTACTACTCTAATTTATGGGGCCAGGCACCTGGTCACC
GTCTCCTCAGGGCAACCTAAGGTCCATCAGTCTTCCACTGGCCCCCTGTGCGGGGACACACCCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTGGTCAAAGGC
TACCTCCCGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGCACCTCACCATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCGGCAGTCTCAGGCCTTACTCGCTG
AGCAGCGTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAAGTGGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACA
TGCAGCAAGCCCATGTGCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTCATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCACGACCCCC
GAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGACGTTACATGGTACATAAACAACGAGCAGGTGCGCACCGCCCGCCGCGCTA
CGGGAGCAGCAGTTCAACAGCAGATCCGCGTGGTCAGCACCTCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAAC
AAGGCACTCCCGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGC
AGCAGGTGCGTCAGCCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACATAAGACC
ACGCCGACCGTGTGGACAGCGACGGCTCCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTACCTGCTCCGTG
ATGCACGAGGCCTTGACAACCACTACACGAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGTAAATAG (SEQ ID NO: 85)

[0345] A11B1_5F7 경쇄

[0346] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCAGGTGCCATATGTGACCTGTGATGACCCAGACTCCATCTTCCACGTCT
GCGGTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAGTTGCCAGTCCAGTCAGAGTGTATAATAACAACACTACTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCC
AAACGCTGATCTACGAATCATCAAACCTGGCATCTGGGGTCCCATCGCGGTTACAGAGCAGTGAGTCTGGGGCAGTTCACTCTCACCATCAGCGACCTG
GAGTGTGACGATGCTGCCACTTACTACTGTCTAGGCGCATATTATACTACTCTTGATTTGCGCGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAGAGGTGATCCAGTTGCA
CCTACTGTCTCATCTTCCACCAGCTGTGATCAGGTGGCACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTACCGTCACC
TGGGAGGTGGATGGCACCACCAAACTGGCATCGAGAACAGTAAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACTCTGACACTG
ACCAGCACACGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGCACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGTTAG (SEQ
ID NO: 86)

[0347] A11B1_5D7 중쇄

[0348] ATGGAGACTGGGCTGCGTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGAGGAGCAGTTGGTGGAGTCCGGGGGAGGCTGGTCCAGCCTGAG
GGATCCCTGACACTACCTGCAAAGCCTCTGGATTGACCTTCACTAGCAATGCAATGTGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATCGCA
TGCATTTATAATGGTGATGGCAGCACATACTACGCGAGCTGGGTGAATGGCCGATTACCATCTCCAAGACCTCGTCGACCACGGTGACTCTGCAAATGACC
AGTCTGACAGCCGCGGACACGGCCACCTATTTCTGTGCGAGAGGTCTCTCTAATTGGAATAGGGATAACTTATGGGGCCCTGGCACCTGGTACCGTCTCC
TCAGGGCAACCTAAGGTCCATCAGTCTTCCACTGGCCCCCTGCTCGGGGACACACCCAGCTCCACGGTGACCTGGGTGCTGGTCAAAGGTACCTC
CCGGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGCACCCCTACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCCTTACTCGTGAGCAGC
GTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAAGTGGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGCAGC
AAGCCCATGTGCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTCACTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCACGACCCCGGAGGTG
ACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGACGTTACATGGTACATAAACAACGAGCAGGTGCGCACCGCCCGCCGCGCTACGGGAG
CAGCAGTTCAACAGCAGATCCGCGTGGTCAGCACCTCCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAGGCA
CTCCCGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGCAGCAGG

TCGGTCAGCCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACCTACAAGACCACGCCG
ACCGTGTGGACAGCGACGGCTCCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTACCTGCTCCGTGATGCAC
GAGGCCTTGACAACCACTACACGAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 87)

[0349] A11B1_5D7 경쇄

[0350] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCCAGGTGCCACATTTGCCCAAGTGCTGACCCAGACTCCATCCTCCGTGTCT
GCAGCTGTGGGAGGCACAGCCACCATCAACTGCCAGGCCAGTCAGAGTCTTTATAGTCCCAAGAATTTAGCCTGGTATCAGCAGACACCAGGGCAGCCTCCC
AAGCTCCTGATCTATTCTGCATCGAACTGGCATCTGGGGTCCCATCGCGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACACAGTTCACTCTCACCATCAGCGCGGTG
CAGTGTGACGATGCTGAATTTACTACTGTCAAGGCGAATTTAGTTGTACTACTGCTGCTTGTTTGCTTTTGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGT
GATCCAGTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGGAATAAATACTTTCCCGAT
GTCACCGTCACTGGGAGGTGGATGGCACCACCCAAACAAGTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGC
ACTCTGACACTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGCACCCTAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGAC
TGTTAG (SEQ ID NO: 88)

[0351] A11B1_5A7 중쇄

[0352] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGAGTCTTTGGAGGAGTCCGGGGGAGGCCTGGTCCAGCCTGAGGGA
TCCCTGACACTCGCTGCACAGCTTCGGGATTCTCCTTCAGTAGCTACTACTACATCTGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGACGGGCTGGAGTGGATCGGA
TGCAATTAATACTGGTAGTGATGACACTACTACGCGAGCTGGTTGAAAGGCCGATTACCTTCTCCAAGGCCTCGTCGACCACGTTGACTCTGCAAATGACC
AGTCTGACAGCCGCGGACACGGCCACCTATTCTGTGCGAGATCATCTGGTAGTAGTGATGATGCTTATGATCTCTGGGGCCAGGCACCTGGTCACTGTC
TCCTCAGGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCACTGGCCCCCTGCTGCGGGACACACCCAGCTCCACGGTGACCCTGGGCTGCCTGGTCAAAGGCTAC
CTCCCGGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGGCACCCTACCAATGGGGTACGACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCTCTACTCGCTGAGC
AGCGTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAAGTGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGC
AGCAAGCCCATGTGCCACCCCTGAACCTCCGGGGGACCGTCTGTCTTATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTACGCACCCCGAG
GTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGACGTTACATGTTACATAAACAACGAGCAGGTGCGCACCGCCCGCCGCGCTACGG
GAGCAGCAGTTCAACAGCAGATCCGCGTGGTCAGCACCTCCCATCGCGACCCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAG
GCACTCCCGGCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGCAGC
AGGTGCGTACGCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACCTACAAGACCAG
CCGACCGTGTGGACAGCGACGGCTCCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTACCTGCTCCGTGATG
CAGAGGCCTTGACAACCACTACACGAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGTAAATAG (SEQ ID NO: 89)

[0353] A11B1_5A7 경쇄

[0354] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCCAGGTGCCAGATGTGATGTTGTGATGACCCAGACTCCAGCCTCCGTGTCT
GAACCTGTGGGAGGCGCAGTCACCATCAAGTGCCAGGCCAGTCAGAGCATTGGTAGAATTTAGCCTGGTATCAGCACAACACAGGGCAGCCTCCCAAGCTC
CTGATCTATTTGCATCCAGCCTGGCATCTGGGGTCTCGTCGCGGTTCAAGGCGGTAGATCTGGGACACAGTTCACTCTCACCATCAGCGACCTGGAGTGT
GCCGATGCTGCCACTTACTACTGTCACTGTACTTATTATCCTCTTAGTTATGTTACTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGTGATCCAGTTGCA
CCTACTGTCTCATCTTCCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCAATAAATACTTTCCCGATGTCACCGTCACC
TGGGAGGTGGATGGCACCACCAACAACCTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACTCTGACACTG
ACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGCACCCTAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGTTAG (SEQ
ID NO: 90)

[0355] A11B1_4E1 중쇄

[0356] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGAGTCTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGGACA
TCCCTGACACTCTCCTGCACAGCCTCTGGATTCTCCTTCGGTAGCTATTATATATGTGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGCTGGAGTGGATCGCA
TGCAATTGATGTTGGTAGTAGTGGTGACACATACTACGCGAGCTGGGTGAATGGCCGATTACCATCTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTGACTCTGCAAAATG
ACCAGTCTGACAGCCGCGACACGGCCACCTATTCTGTGCGAGAGATGATACTGCTGCTGGTGGTTTTGGTAATTTGGAATTGTGGGGCCAGGCACCTG
GTCACCGTCTCCTCAGGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCCACTGGCCCCCTGCTGCGGGGACACACCCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTGGTC
AAAGGCTACCTCCCGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGGCACCTCACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCCTCTAC
TCGCTGAGCAGCGTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCCGTCACTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAAGTGGAACAAGACCGTTGCGCCC
TCGACATGCAGAAAGCCATGTGCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCACGC
ACCCCGAGGTACATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGACGTTACATGTTACATAAACAACGAGCAGGTGCGCACCGCCCGGCCG
CCGCTACGGGAGCAGAGTTCAACAGCAGATCCGCGTGGTCAGCACCTCCCATCGCGCACCCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTC

CACAACAAGGCACTCCCGGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAG
CTGAGCAGCAGGTCGGTCAGCCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCCCTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACCTAC
AAGACCACGCCGACCGTGCTGGACAGCGACGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGCGACGGGGCGACGTCTTCACCTGC
TCCGTGATGCACGAGGCCTTGCAACAACCACTACACGCAGAAGTCCATCTCCGCTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 91)

[0357] A11B1_4E1 경쇄

[0358] ATGGACACGAGGGCCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCAGGTGCCAGATGTGCATTGCAATTGACCCAGACTCCATCCTCCGTGTCT
GAACCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAAGTGCCAGGCCAGTCAGAGCATTTACAGTACTTTTCTGTTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCCAAGCGC
CTGATTTACCAGGCATCCACTCTGGCTTCTGGGGTCCCATCGCGGTTCAAAGGCAGTGAGTCTGGGACAGATTCTACTCTACCATCAGCGACCTGGAGTGT
GCCGATGCTGCCACTTACTACTGTCAAAACAATTATGGTAGGGGTAGTGGTAGTTATTTTTTGGTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGTGAT
CCAGTTGCACCTACTGTCTCTATCTTCCCACAGCTGTGTATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTC
ACCGTCACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCCAAACAAGTGGCATCGAGAACAGTAAACACCCGAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACT
CTGACACTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCACGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGT
TAG (SEQ ID NO: 92)

[0359] A11B1_3H9 중쇄

[0360] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGCTGTTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGGGCA
TCCCTGACACTCACCTGCAAAGCCTCTGGAATCGACTTCAGTAGCGGTACGGCATGTGGTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGACTGGAGTATATCGGA
TACATTGATACTGGTAGTGGTAGCACTTACTACGCGAAGTGGGCGAAAGGCCGATTACCATCTCCAAAACCTCGTCGACCATGGTGAATGCTGCAATGACC
AGTCTGACAGTCGCGGACACGGCCACCTATTCTGTGCGAAAGGGGCGCCATAGACCTCTGGGGCCAGGGACCTCGTCACCGTCTCTTACGGGCAACCT
AAGGCTCCATCAGTCTTCCCACTGGCCCCCTGTGCGGGGACACACCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTGGTCAAAGGCTACCTCCCGAGCCAGTG
ACCGTGACCTGGAATCGGGCACCTCACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCCTCTACTCGCTGAGCAGCGTGGTGAAGCTG
ACCTCAAGCAGCCAGCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAGTGGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGACGAAGCCCATGTGC
CCACCCCTGAATCCCGGGGGGACCGTCTGTCTTATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCACGACCCCCGAGGTACATGCGTGGTG
GTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCAGTTCACATGGTACATAAACAACGAGCAGGTGCGCACCCCGCCGCGCGCTACGGGAGCAGCAGTTC AAC
AGCAGCATCCGCTGGTGCAGACCTCCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGGCCCC
ATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGCAGCAGGTGCGTCAGCCTG
ACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCCCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAAGCGGAAGGCAGAGGACAACCTACAAGACCACGCCGACCGTGTGGAC
AGCGACGGCTCCTACTTCTCTACAGCAAGTCTCAGTGCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGCGACGTCTTACCTGTCCGTGATGCACGAGGCCTTGACAC
AACCCTACACGCAGAAGTCCATCTCCGCTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 93)

[0361] A11B1_3H9 경쇄

[0362] ATGGACACGAGGGCCCCCACTCAGCTGCTGGGACTCCTACTGCTCTGGCTCCAGGTGCCAGATGTGCTGACATTGTGATGACCCAGACTCCAGCCTCCGTG
GAGGCAGCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAAGTGCCAGGCCAGTCAGAGCATTAGTAGTTACTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCGTCCCAAG
CTCCTGATCTACAGGGCATCCACTCTGGCATCTGGGGTCCCATCGCGGTTCAAAGGCAGTGAGTCTGGGACAGACTACACTCTACCATCAGCGACCTGGAG
TGTGCCGATGCTGCCACTTATTATTGTACATACCTATTATCTTAGTAGTAGTATCAGTTATGGTAATACTTTCCGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGT
GATCCAGTTGCACCTACTGTCTCTATCTTCCCACAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGAT
GTCACCGTCACTGGGAGGTGGATGGCACCACCCAAACAAGTGGCATCGAGAACAGTAAACACCCGAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGC
ACTCTGACACTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCACGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGAC
TGTTAG (SEQ ID NO: 94)

[0363] A11B1_3G2 중쇄

[0364] ATGGAGACTGGGCTGCGCTGGCTTCTCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGAGGAGCAGCTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGAG
GGATCCCTGACACTCACCTGCAAAGCCTCTGGATTCTCCTTCACTAGCATCTACTGGATTGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGTGGAGTGGATC
GCATGCACTACTGTTGTCAAAGTGGTAGAAGTCTACTACGCGAAGTGGGCGAAAGGCCGATTACCATCTCCAAAACCTCGTCGACCACGGTGACTCTGCAA
ATGACCAGTCTGACAGCCGCGGACACGGCCACCTATTCTGTGCGAGAGAATTGTTGTGATGGTGGTGGTAGTAGTGGTAGGGACTTGTGGGGCCAGGCACC
CTGGTACCGTCTCTCAGGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCCCTGCGGGGACACCCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTG
GTCAAAGGCTACCTCCCGGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAAGTGGGCAACCTACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCCTC
TACTCGCTGAGCAGCGTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAGTGGACAAGACCGTTGCG
CCCTCGACATGCAGCAAGCCCATGTGCCACCCCTGAAGTCCCGGGGGGACCGTCTGTCTTCTATCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCA
CGACCCCCGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCAGTTCACATGGTACATAAACAACGAGCAGGTGCGCACCCGCCCGG

CCGCCGTACGGGAGCAGCAGTTCAACAGCACGATCCGCGTGGTCAGCACCCCTCCCCATCGCGCACCCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAA
GTCCACAACAAGGCACTCCCGGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGGAG
GAGCTGAGCAGCAGGTCGGTCAGCCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAAC
TACAAGACCACGCCGACCGTGTGGACAGCAGCGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGCTTCCACC
TGCTCCGTGATGCACGAGGCCTTGACAACCACTACACGCAGAAGTCCATCTCCCGTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 95)

[0365] A11B1_3G2 경쇄

[0366] ATGGACACGAGGGCCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCCAGGTGCCAGATGTGCCTATGATATGACCCAGACTCCAGCCTCCGTGGAG
GCAGCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAAGTGCCAGGCCAGTCAGAGCATTAGTAGGGACTTATCCTGGTATCAGCAGAAACCTGGACAGCCTCCCAAGCGC
CTAATCTACAAGGCATCCACTCTGGCATCTGGGGTCCCATCGCGGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTCTACTCTCACCATCAGCGACCTGGAGTGT
GCCGATGCTGCCACTTACTACTGTCAACAGGGTTATAGTAGTATTGATGTTGATAATGATTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGTGATCCAGTT
GCACCTACTGTCTCATCTTCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTACCCGTC
ACCTGGGAGGTGGATGGACACCACCAAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCCGAGAATTCTGCAGATTGTACTACAACCTCAGCAGCACTCTGACA
CTGACCAGCACACGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGTTAG
(SEQ ID NO: 96)

[0367] A11B1_3B1 중쇄

[0368] ATGGAGACTGGGCTGCGTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGAGGAGCAGCTGGAGGAGTCCGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGAG
GGATCCCTGACACTACCTGCAAAGCCTCTGGATTGACCTCAGTAGCGGTATGACATGTGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGTGGAGTGGATC
GCATGCAATTTATGCTGATTATAGTGGTAGCATACTACGCGAGCTGGGTGAATGGCCGATTACCATCTCCAGCAGCACCAGCCTAAACACGGTGGATCTG
AAAATGACCAGTCTGACAGCCGCGACACGGCCACCTATTTCTGTGCCAGAGGGGCTACTGGTAATGGTGGTTATGGATACTACTTTAACTTGTGGGGCCCA
GGCACCTGGTCACCGTCTCCTCAGGGCAACCTAAGGCTCCATCAGTCTTCCACTGGCCCCCTGCTGCGGGGACACACCAGCTCCACGGTGACCTGGGC
TGCCTGGTCAAAGGTACCTCCCGGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGCACCCCTACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCA
GGCCTTACTCGTGAGCAGCGTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAAGTGACAAGACC
GTTGCGCCCTCGACATGCAGCAAGCCATGTGCCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTCACTTCCCCCAAAACCAAGGACACCCCTCATG
ATCTCAGCACCCCGAGGTACATGCTGGTGGTGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCAGTTACATGGTACATAAACAACGAGCAGGTGCGCACC
GCCCCGCGCGCTACTCGGAGCAGCAGTTCAACAGCAGATCCGCGTGGTCAGCACCTCCCCATCGCGCACCAGGACTGGGTGAGGGGCAAGGAGTTCAAG
TGCAAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCC
CGGGAGGAGCTGAGCAGCAGGTGCTGACCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAG
GACAACTACAAGACCACGCCGACCGTGTGGACAGCGACGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGCTCTCAGTGCCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTC
TTCACCTGCTCCGTGATGCACGAGGCCTTGACAACCACTACACGCAGAAGTCCATCTCCCGTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 97)

[0369] A11B1_3B1 경쇄

[0370] ATGGACACGAGGGCCCCCACTCAGCTGCTGGGGCTCCTACTGCTCTGGCTCCCAGGTGCCAGATGTGCTGACATTGTGATGACCCAGACTCCAGCCTCCGTG
TCTGAACCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAAGTGTGAGGCCAGTCAGAACATTAATAGCGGCTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACAGGGCAGCCTCCCAAG
CTCCTGATCTACAAGGCATCCACTCTGGCATCTGGGGTCTCATCGCGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCTCACCATCAGCGACCTGGAG
TGTGCCGATGCTGCCACTTACTACTGTCAAACCTATTATTATAGTAGTAGTAGTATGATAATGCTTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGTGAT
CCAGTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCACCAGCTGCTGATCAGGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTC
ACCGTCACCTGGGAGGTGGATGGCACCCCAAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCCGAGAATTCTGCAGATTGTACTACAACCTCAGCAGCACT
CTGACACTGACCAGCACACGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGT
TAG (SEQ ID NO: 98)

[0371] A11B1_2D3 중쇄

[0372] ATGGAGACTGGGCTGCGTGGCTTCTCCTGGTCGCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGAGTGGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGGGCA
TCCCTGACACTACCTGCACAGTTCTGGATTCTCCTTCACTAGCAGTTATTGGATATGCTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGTGGAGTGGATCGCA
TGTATTTATGGTGGTAGTAGTGGTAACATTGCTACGCGAGCTGGGCGAAAGGCCGATTACCATCTCCAAAACCTCGTCACCACCGTGACTCTACAAATG
ACCAGTCTGACAGCCGCGACACGGCCACCTATTTCTGTGCGAGAGATATTCCTAGTGATGCTTTCACCTTAGACTTGTGGGGCCAGGCACCCCTGGTCACC
GTCTCCTCAGGGCAACCTAAGGTCCATCAGTCTTCCACTGGCCCCCTGCTGCGGGGACACACCAGCTCCACGGTGACCTGGGGTGCCTGGTCAAAGGC
TACCTCCCGGAGCCAGTGACCGTGACCTGGAACCTCGGGCACCCTACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCCCTTACTCGCTG
AGCAGCGTGGTGAGCGTGACCTCAAGCAGCCAGCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAAGTGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACA
TGCAGCAAGCCATGTGCCACCCCTGAACTCCCGGGGGACCGTCTGTCTTCACTTCCCCCAAAACCAAGGACACCCCTCATGATCTACGCACCCCC

GAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCAGGATGACCCCGAGGTGCAGTTCACATGGTACATAAACAACGAGCAGGTGCCGACCGCCCGGCCGCTA
CGGGAGCAGCAGTTCAACAGCACGATCCGCGTGGTCAGCACCCCTCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAAC
AAGGCACTCCCGGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGC
AGCAGTTCGCTCAGCTGACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACCTACAAGACC
ACGCCGACCGTGTGGACAGCGACGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGTCTCTCAGTCCCCACGAGTGAGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTACCTGCTCCGTG
ATGCACGAGGCCTTGACAACCACTACACGAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 99)

[0373] A11B1_2D3 경쇄

[0374] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCAGGTGCCACATTTGCCCAAGTGCTGACCCAGACTCCATCCTCCGTGTCT
GCAGCTGTGGGAAGCACAGTCACCATCAATTGCCAGGCCAGTCAGAGTGTATATAAGACAACAATTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCC
AAGCTCCTGATCTACAAGGCTTCCACTCTGGCATCTGGGGTCCCATCGCGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACACAGTTCACTCTCACCATCAGCGCGGTG
CAGTGTGAAGATGTGCCACTTACTACTGTCAAGGCGAATTTCAGTTGTGGTAGTGTGATTGTATTGCTTTCCGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGT
GATCCAGTTGCACCTACTGTCTCATCTTCCACCAGCTGTGTATCAGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGGGAATAAATACTTTCCCGAT
GTCACCGTCACTGGGAGGTGGATGGCACCACCAAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGC
ACTCTGACACTGACCAGCACACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGAC
TGTTAG (SEQ ID NO: 100)

[0375] A11B1_2A7 중쇄

[0376] ATGGAGACTGGGCTGCGTGGCTTCTCCTGGTCTGTGCTCAAAGGTGTCCAGTGTGAGTGTGAGGAGTCCGGGGGAGACCTGGTCAAGCCTGGGGCA
TCCCTGACACTACCTGCAAAGGCTCTGGAATCGACTTCAGTAGCGGTACGGCATGTGGTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGACTGGAGTATATCGGA
TACATTGATACTGGTTATGGTAGCACTTACTACGCGAGCTGGGGCAAAGGCCGATTACCATCTCCAAGACCTCGTCGACCACGGTGACTCTGCAAATGACC
AGTCTGACAGTCGCGGACACGGCCACCTATTCTGTGCGAAAGGGGCGCCATAGACCTCTGGGGCCAGGGACCTCGTCACCGTCTCTTCAGGGCAACCT
AAGGTCCATCAGTCTTCCACTGGCCCCCTGTGCGGGGACACACCAGCTCCACGGTGACCTGGGCTGCCTGGTCAAAGGCTACCTCCCGAGCCAGTG
ACCGTGACCTGGAACCTCGGGACCCCTACCAATGGGGTACGCACCTTCCCGTCCGTCCGGCAGTCTCAGGCCTCTACTCGCTGAGCAGCGTGGTGAGCGTG
ACCTCAAGCAGCCAGCCCGTCACCTGCAACGTGGCCACCCAGCCACCAACACCAAAGTGGACAAGACCGTTGCGCCCTCGACATGCAGCAAGCCCATGTGC
CCACCCCTGAACCTCCGGGGGACCGTCTGTCTTATCTTCCCCCAAACCAAGGACACCTCATGATCTCAGCACCCCGAGGTACATGCGTGGTG
GTGGACGTGAGCCAGGATGACCCGAGGTGCAGTTACATGGTACATAAACAACGAGCAGGTGCGCACCGCCCGCGCGCTACGGGAGCAGCAGTTCAAC
AGCACGATCCGCTGGTCAAGCACCCTCCCCATCGCGCACCAGGACTGGCTGAGGGGCAAGGAGTTCAAGTGCAAAGTCCACAACAAGGCACTCCCGGCCCC
ATCGAGAAAACCATCTCAAAGCCAGAGGGCAGCCCTGGAGCCGAAGGTCTACACCATGGGCCCTCCCGGGAGGAGCTGAGCAGCAGGTCCGTCAGCCTG
ACCTGCATGATCAACGGCTTCTACCTTCCGACATCTCGGTGGAGTGGGAGAAGAACGGGAAGGCAGAGGACAACCTACAAGACCACGCCGACCGTGTGGAC
AGCGACGGCTCTACTTCTCTACAGCAAGTCTCAGTGCCACGAGTGGTGGCAGCGGGGCGACGTCTTACCTGTCCGTGATGCACGAGGCCTTGAC
AACCCTACACGAGAAGTCCATCTCCCGCTCTCCGGGTAAATAG (SEQ ID NO: 101)

[0377] A11B1_2A7 경쇄

[0378] ATGGACACGAGGGCCCCACTCAGTGCTGGGGCTCCTGCTGCTCTGGCTCCAGGTGCCACATTTGCAGCCGTGCTGACCCAGACTCCGGCTTCCACGTCT
GCAGCTGTGGGAGGCACAGTCACCATCAATTGTAGTCCAGTCAGAGCGTGTATCGTAGCAACTGGTTAGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCC
AAGCTCCTGATCTATGATGATTTAATTGGCATCTGGGGTCCCATCCCGTTCAAAGGCAGTGGATCTGGGACACAGTTCACTCTCACCATCAGCGCGGTG
CAGTGTGCCGATGTGCCACTTACTACTGTCAAGGCAGTTATTATAGTGGTAATTGGTACAGTGTCTTCGGCGGAGGGACCGAGGTGGTGGTCAAAGGTGAT
CCAGTGTGACCTACTGTCTCATCTTCCACCAGCTGTGTATCAGTGGCAACTGGAACAGTCACCATCGTGTGTGGCGAATAAATACTTTCCCGATGTC
ACCGTCACCTGGGAGGTGGATGGCACCACCAAACTGGCATCGAGAACAGTAAACACCGCAGAATTCTGCAGATTGTACCTACAACCTCAGCAGCACT
CTGACACTGACCAGCACAGTACAACAGCCACAAAGAGTACACCTGCAAGGTGACCCAGGGCAGACCTCAGTCGTCCAGAGCTTCAATAGGGGTGACTGT
TAG (SEQ ID NO: 102)

[0379] 항- $\alpha 11\beta 1$ 단일클론 항체의 단백질 서열

[0380] 래트 *mAb* 서열

[0381] 신호 펩티드-FR1-CDR1-FR2-CDR2-FR3-CDR3-FR4

[0382] 79E3E3 중쇄 가변 영역

[0383] MDWLWNLLFLMVAQSAQAQIQLVQSGPEVKKPGESVKISCKASGYTFDYAMNWKQAPGNLKWGMWINTQTGKPTYADDFKQRFVFSLETSARTTYLQI
NNLNIEDTATYFCTRLGTGNTKGFAYWGQGLVTVSS (SEQ ID NO: 145)

- [0384] 79E3E3 경쇄 가변 영역
- [0385] *MESQTHVLISLLLCVSGTC*ⒹILINQSPASLTVSAGERVTMSCKSSQSLLYSENQDYLAWYQKPGQFPKLLIYGASNRHTGVPDRFTGSGSGTDFTLTIS
SVQAEDLADYYCEQTYRYPFTFGSGTKLEIK (SEQ ID NO: 146)
- [0386] 24E4G6 중쇄 가변 영역
- [0387] *MELELSLIFISLLKDVQ*CEVQLVESGGSLVQPGGSLKLSCVASGYTFSNYWMDWVRQSPGKSLEWIGEINTDGRRTNYAPSIKDRFTISRDNASTLYLQM
SNVKSDDTAIYYCTILRVYPHYFDYWGGVMVTVSS (SEQ ID NO: 147)
- [0388] 24E4G6 경쇄 가변 영역
- [0389] *MMSPAQFLFLLMLWIQEAR*ⒹVMTQTTPPSLSVAIGQSVSISCKSSQSLVYSDGETYLHWFLQSPGRSPKRLIYHVSNLGSGVPDRFSGTSLTDFTLISR
VEAEDLGYYCAQTTHFPPTFGAGTKLELK (SEQ ID NO: 148)
- [0390] 8H8E9 중쇄 가변 영역
- [0391] *MAVLVLLCLVTFPSCALSQVQLKESG*PGLVQPSQTLSTCTVSGFSLTSNSVSWVRQAPGKGLEWMGAIWGGSTDYNSALKSRLSISRDTSKSQVFLKMN
SLQTEDTAIFYCTRSHWEFPDYWGQVMVTVSS (SEQ ID NO: 149)
- [0392] 8H8E9 경쇄 가변 영역
- [0393] *MESQTQALISLLLVYGT*ⒹIVMTQSPFSLAVSEGEVMTINCKSSQGLSSGNQKNYLAWYQKPGQSPKLLIYYASTRQSGVPDRFIGGSGTDFTLTIS
DVQAEDLADYYCLQHYSYPPTFGSGTKLEIK (SEQ ID NO: 150)
- [0394] 6E5C11 중쇄 가변 영역
- [0395] *MAVLVLLCLVTFPSCALSQVQLRESG*PGLVQPSQTLSTCTVSGFSLTSNSVTWVRQPPGKGLEWMGAIWSDGSTDYNSTLKSRLSISRDTSKSQVFLKMS
SLQTEDTAIFYCTRSHWEFPDYWGQVMVTVSS (SEQ ID NO: 151)
- [0396] 6E5C11 경쇄 가변 영역
- [0397] *MESQTQALISLLLVYGT*ⒹIVMTQSPLSLAVSEGETVTMNCCKSSQSLFSSGNQKNYLAWYQKPGQSPKLLIYYASTRQSGVPDRFIGGSGTDFTLTIS
DVQTEDLADYYCLQHYNYPPTFGSGTKLEIK (SEQ ID NO: 152)
- [0398] 7D8B10 중쇄 가변 영역
- [0399] *MDLRLTYVFIIVAILKGVL*CEVKLEESGGGLVQPGMSVKLSCATSGFIFSDYWMEWVRQAPGKGLEWVAEIRNKANNYATYYGKSMKGRFTISRDDSKSIVYL
QVNSIRSEDTAIYYCAPNFDYWGGVMVTVSS (SEQ ID NO: 153)
- [0400] 7D8B10 경쇄 가변 영역
- [0401] *MSPVQSLFLLLLWILGTH*ⒹVVLTPPTLSATIGQSVSISCRSSQSLHSTGNTYLNWLLQRPQPPQLLIYLVSRLESQVGNRFSASGSGTDFTLKISGI
EAEDLGYYCVQSSHTPYTFGTGKLELK (SEQ ID NO: 154)
- [0402] 18E10F10 중쇄 가변 영역
- [0403] *MDIRLSLVFLVLFMKG*VQCEVQLVESGGGLVQPGRLKLSCAASRFTFSDYNMAWVRQAPKKGLEWVATIYHDDSGSYRDSVKGRFTISRNNASTLYLQM
DSLRSSEDMATYYCARHNNGFQDYWGQVMVTVAS (SEQ ID NO: 155)
- [0404] 18E10F10 경쇄 가변 영역
- [0405] *MKWPVRLVLFFWIPASG*ⒹVMTQTPVSLPVRLLGGQASISCRSSQSLVHSGNTYLNWYLQKPGQSPQLLINRVSNRFSQVGNRFSASGSGTDFTLKINRV
EPEDLDYYCLQSTHFPLTFGSGTKLETK (SEQ ID NO: 156)
- [0406] 40G10H11 중쇄 가변 영역
- [0407] *MDIRLSLGFLVLFIKGDQ*CAVQLVESGGGLVQPGRLKLSCAASRITFTDYMAWVRQAPTKGLEWVATISSDGGDTFYRDSVKGRFTISRDNASTLYLQM
VSLRSEDTATYYCSTDRGAQFGYWGQGLTVTVSS (SEQ ID NO: 157)
- [0408] 40G10H11 경쇄 가변 영역
- [0409] *MAPVQLLGLLLIWLPAMR*ⒹIQMTQSPSFLSASVGDRVSINCKASQNVHENLNWYQKLGAPKRLIYNTNNLQTGIPSRFSGSGSGADYTLTISSLQPEDF
ATYFCLQHNAFPYTFGPGTKLELK (SEQ ID NO: 158)

- [0410] **마우스 mAb 서열**
- [0411] FR1-**CDR1**-FR2-**CDR2**-FR3-**CDR3**-FR4
- [0412] 9-G05 중쇄 가변 영역
- [0413] EVQLQQSGPELVKPGASVKIPCKAS**GYTF**PDYNDMDVVKQSHGKSLEWIGYIN**PDNGG**TIYNQKFKGKATLTVDKSSSTAYMELRSLTSEDTAVYYCARLDSS
GYGYYAMDYWGQGTSTVTVSS (SEQ ID NO: 103)
- [0414] 9-G05 경쇄 가변 영역
- [0415] DIVLTQSPASLAVSLGQRATISCRASESVDN**YGISFM**HWYQKPGQPPKLLIYRAS**NDSE**IPARFSGSGSRTDFTLTIDPVETDDVATYYC**QQSY**KDPRTF
GGG**TKLEIK** (SEQ ID NO: 104)
- [0416] 8-P20 중쇄 가변 영역
- [0417] KVM**LVESGG**ALVKPGSLKLSCVAS**GTF**SNYAMSWVRQTPEKREWVATISS**GGY**TYYPDSVKGRFTISRDNARNTLFLQMSSLRSEDTAMFYCAREDDY
GRYSYTMDYWGQGTSTVTVSS (SEQ ID NO: 105)
- [0418] 8-P20 경쇄 가변 영역
- [0419] DVVMTQTPLSLPVSLGDQV**SISCRCSQ**SLVHSNGNTY**LHWY**LQKPGQSPQLLIY**KISN**RFSGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYFC**SQ**STHVPYT
FGGGTELEIK (SEQ ID NO: 106)
- [0420] 8-G15 중쇄 가변 영역
- [0421] EVQLQQSGPELVKPGASVRI**SCKASGYT**FTDYYIHVVKQKPGQGLECI**GEIYPG**TDNTYYSKKFRGKATLTADKSSDTAYMQLSSLTSEDSAVYFCARGDYY
RGYFDVWGAGTTVTVSS (SEQ ID NO: 107)
- [0422] 8-G15 경쇄 가변 영역
- [0423] DVVMTQTSLTSLVTIGQPASIS**CKSSQ**SLVHSNGNTY**LWN**LLQRPQSPKFLIY**LVSK**LESVGPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVY**YCLQ**STHFPWT
FGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 108)
- [0424] 8-I14 중쇄 가변 영역
- [0425] EVQLQQSGPELVKPGASVK**SKCKASGYT**FTDYYMHVVKQKPGQGLEWIGKI**YPG**SGNTHYNEKFKGKATLTADKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYFCATNYYG
YRAMNYWGQGSSTVTVSS (SEQ ID NO: 109)
- [0426] 8-I14 경쇄 가변 영역
- [0427] DIH**LTQSP**SSLASLGERIS**LTCRASQ**DIYISLNWFQKPDGTIKLLIY**GTSS**LDSGVPKRFSGRSGSDYSLTISSELEDFADYY**CLQY**ASSPYTFGGGT
KLEIK (SEQ ID NO: 110)
- [0428] 9-E16 중쇄 가변 영역
- [0429] EVQLQQSGPELVKPGASVKIS**CKASGYT**FTDYYMHVVKQKPGQGLEWIGEI**YPG**SGNPYYNEKFKGKATLTADKSSSSAYMQLSSLTSEDSAVYFCARTSYG
RVGTGFAYWGQGTTLTVSA (SEQ ID NO: 111)
- [0430] 9-E16 경쇄 가변 영역
- [0431] NFVMTQTPLSLPVSLGDQASIS**CRSSQ**SLVHSNGNTY**LHWY**LQKPGQSPKLLIY**KVSN**RFSVGPDRFSGSGSGTDFTLKINRVETEDLGIFYC**SQ**SSHVP**TF**
GAGTKLEIK (SEQ ID NO: 112)
- [0432] 8-J17 중쇄 가변 영역
- [0433] QVQLQQSGAELAKPGASVKMS**CKASGYT**FTNYMHVVKQRPQGLEWIGYIN**PNN**GYTEYNQRFKDKATLTADRSSTAYMQLSSLTSEDSAVYYCARSDII
TTDYWGQGTTLTVSS (SEQ ID NO: 113)
- [0434] 8-J17 경쇄 가변 영역
- [0435] DVVMTQTPLSLPVSLGDQASIS**CRSSQ**SLVY**SNGNTY**LHWY**LQKPGQSPKLLIYKV**SNRFSVGPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYFC**SQ**STHVPWT
FGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 114)
- [0436] 9-B11 중쇄 가변 영역

- [0437] QVQLQQPGAELVRPGTSVKLSCKASGYTFTSYWMHWVQKRPQGLEWIGV **IDPSDSYTNYNQKFKGKATLTVDTSSSSAYMQLSSLTSEDSAVYYCARDVA**
MDYWGQGTSTVSS (SEQ ID NO: 115)
- [0438] 9-B11 경쇄 가변 영역
- [0439] DIVVTQSPASLAVSLGQRATISCRASESVDSYGNSFIHWYQQKPGQPPKLLIYRASNLKSGIPARFSGSGSRTDFTLTINPVEADDVATYYC**QQSNEDPYTF**
GGGTKLEIK (SEQ ID NO: 116)
- [0440] SEQ ID NO: 117-144의 경우, **CDR3**은 굵게 밑줄이 그어진 텍스트로 표시된다.
- [0441] 6-012 중쇄 가변 영역
- [0442] EVKLEESGGGLVQPGGSMKLSCAASGFTFSDAWMDWVRQSPQSGLEWVAEIRNKAHNPATYYAESVKGRFTISRDDSKSSVYLQMNSLRAEDTGIIY**CTLVA**
PDAMDYWGQGTSTVSS (SEQ ID NO: 117)
- [0443] 6-012 경쇄 가변 영역
- [0444] DIVMSLSPSSLAVSVGEKVTMSCKSSQLLSYRNQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIYWASTRASGVDPDRFTGSGSGTDFTLTISSVKAEDLAVYY**CQQYYSYPY**
TFGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 118)
- [0445] 10-L15 중쇄 가변 영역
- [0446] QVQLQQSGPELVRPGASVKMSCKASGYTFTSYWMHWVQKRPQGLEWIGMIDPSNSETWLNQKFKDKATLNVDKSSNTAYMQLSSLTSEDSAVYY**CARYDGY**
YDYWGQGTTLTVSS (SEQ ID NO: 119)
- [0447] 10-L15 경쇄 가변 영역
- [0448] NIVLTQSPASLAVSLGQRATISCRASESVDSYGNSFMHWYQQKPGQPPKLLIYLASNVESGVPARFSGSGSRTDFTLTIDPVEADDAATYY**CQNNEDPWTF**
GGGTKLEIK (SEQ ID NO: 120)
- [0449] 7-H14 중쇄 가변 영역
- [0450] QVQLQQPGAELVRPGASVKLSCKPSGYTFTSYWMNVQKRPQGLEWIGMIDPSDSETHYNQMFKDATLTVDKSSNTAYMQLSSLTSEDSAVYY**CAQIYYA**
YDKAYWGQGTTLTVSA (SEQ ID NO: 121)
- [0451] 7-H14 경쇄 가변 영역
- [0452] DIVMSQSPSSLAVSVGEKVTMSCKSSQLLSYSSHQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIYWASTRESGVDPDRFTGSGSGTDFSLTISSVKAEDLAVYY**CQEYYSWTF**
GGGTKLEIK (SEQ ID NO: 122)
- [0453] 6-B21 중쇄 가변 영역
- [0454] EVQLQQSGPELVKPGASVKISCKASGYTFTDYIMNVQKSHGKSLEWIGDINPHNGGTSFIQKFKGKATLTVDKSSSTAYMELRSLTSEDSAVYY**CAPLGRK**
EGFAYWGQGTTLTVSA (SEQ ID NO: 123)
- [0455] 6-B21 경쇄 가변 영역
- [0456] DTVLTQSPASLVVSLGQRATISCRASKSVSTSGYSYMHYQQKPGQPPKLLIYLASNLESGVPARFSGSGSGTAFTLN IHPVEEEDAATYY**CQHSRELPYTF**
GGGTKLEIK (SEQ ID NO: 124)
- [0457] 10-F23 중쇄 가변 영역
- [0458] QVTLESGPGILQPSQTLSTLTCFSGFSLSTFAMGVGWIQPSGKGLEWLAHIWDDDKYYPALKSRLTISKDTSKNHVFLKI ANVDTADTATYY**CARMPL**
TFYFDYWGQGTTLTVSS (SEQ ID NO: 125)
- [0459] 10-F23 경쇄 가변 영역
- [0460] DVLLTQTPLSLPVSLGDQASISCRSSQSI VHSNGHTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVSNRFGVDPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEADLGVYY**CFQGSHVPFT**
FGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 126)
- [0461] 6-A12 중쇄 가변 영역
- [0462] QVTLESGPGILQPSQTLSTLTCFSGFSLRTFAMGVGWIQPSGKGLEWLAHIWDDDKYYPALKSRLTISKDTSKNQVFLKI ANVDTADTATYY**CARMPL**
TFYFDYWGQGTTLTVSS (SEQ ID NO: 127)

- [0463] 6-A12 경쇄 가변 영역
- [0464] DVLMTQTPLSLPVS LGDQASISCRSSQSI VHSNGNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVSTRFSGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCFQGSHVPFT
EGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 128)
- [0465] 6-M8 중쇄 가변 영역
- [0466] QVQLQQPGAELVMPGASVKLSCKASGYTFTNYWMHWVKRPGQGLEWIGEDIPSDSYTNYNQKFKGKATLTVDKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYYCTRQGST
YAWGQGTSVTVSS (SEQ ID NO: 129)
- [0467] 6-M8 경쇄 가변 영역
- [0468] DIVMTQAAFSNPVTLTGTSASISCRSSKSLLSNGITYLYWYLQKPGQSPQLLIYQMSNLASGVPDRFSSSGSGTDFTLRI SRVEAEDLGVYYCAQNLELPPT
EGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 130)
- [0469] 2-A3 중쇄 가변 영역
- [0470] EVQLQQSGPELVKPGASVKMSCKASGYTFTDYMMWVKQSHGKSLEWIGDINPYNGGSSYNPKFKGRATLTVDKSSSTAYMQLNSLTSEDSAVYYCARGTYW
GQGTTLTVSA (SEQ ID NO: 131)
- [0471] 2-A3 경쇄 가변 영역
- [0472] DVVMTQTPLTSLVTIGQPASISCKSSQSLDSAGKTYLNWLLQRPQSPKRLMYLVSKLDSGVPDRFTGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCWQGTHTFPYT
EGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 132)
- [0473] 6-017 중쇄 가변 영역
- [0474] QVQLQQPGAELVMPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWIKRPGQGLEWIGEDIPSNNGGSYNEKFKSKATLTVDKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYYCKSRGYW
GQGTTLTVSS (SEQ ID NO: 133)
- [0475] 6-017 경쇄 가변 영역
- [0476] DVVMTQTPLTSLVTIGQPASISCKSSQSLDSYGKTYLNWLLQRPQSPKRLIYLVSKLDSGVPDRFTGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGIYYCWQGTHTFPHT
FGSGTKLEIK (SEQ ID NO: 134)
- [0477] 3-G5 중쇄 가변 영역
- [0478] QVQLQQSGAELARPGASVKLSCKASGYTFTSYGISWVKQRTGQGLEWIGEDIPRSSNTYYNEKFKGKATLTADKSSSTVYMEFRSLTSEDSAVYFCAREGGL
AWFAYWGQGTTLTVSA (SEQ ID NO: 135)
- [0479] 3-G5 경쇄 가변 영역
- [0480] DVVMTQTPLTSLVTIGQPASISCKSSQSLLYTNGNTYLNWLLQRPQSPKRLIYLVSKLDSGIPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCLQSTHTFPFT
FGSGTKLEIK (SEQ ID NO: 136)
- [0481] 6-A15 중쇄 가변 영역
- [0482] EVQLQQSGPELVKPGASVKMSCKASGYTITDYMMWLKQSHGKSLEWIGDINPYTGGTSYNQKFKGKATLTVDKSSSTAYLQLHSLTSEDSAVYYCARGAYW
GQGTTLTVSS (SEQ ID NO: 137)
- [0483] 6-A15 경쇄 가변 영역
- [0484] DVVMTQTPLTSLVTIGQPASISCKSSQSLSDGKTYLNWLLQRPQSPKRLIYLVSKLDSGVPDRFTGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCWQGTHTFPYT
EGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 138)
- [0485] 10-K10 중쇄 가변 영역
- [0486] EVQLQQSGPELVKPGASVKMSCKASGYTITDYMMWLKQSHGKSLEWIGDINPYTGGTSYNQKFKGKATLTVDKSSSTAYMQLNSLTSEDSAVYYCARGAYW
GQGTTLTVSS (SEQ ID NO: 139)
- [0487] 10-K10 경쇄 가변 영역
- [0488] DVVMTQTPLTSLVTIGQPASISCKSSQSLSDGKTYLNWLLQRPQSPKRLIYLVSKLDSGVPDRFTGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCWQGTHTFPYT
EGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 140)

- [0489] 6-P20 중쇄 가변 영역
- [0490] EVQLQQSGPELVKPGASVKISCKASGYTFDYYMNWVKQSHGRSLELIGDINPNNGGSNFNQKFRGKATLTVDKSSSTAYMELRSLTSEDSAIYYCARMGYW
GQGTLLTVSA (SEQ ID NO: 141)
- [0491] 6-P20 경쇄 가변 영역
- [0492] DVVMTQTPLTSLVTIGQPASISCKSSQSLHSDGKTYLNWMFQRPQGSPKRLIYLVSKLDSGVPYRFTGGGSGDTFTLQISRVEDTLGVVYCWQGTHTFPRT
FEGGTKLEIK (SEQ ID NO: 142)
- [0493] 7-08 중쇄 가변 영역
- [0494] EVQLQQSGPELVKPGASVKMSCKASGYTFDYYIHVVKQKPGQGLEYLEIGEYIPGSGNTYYNGKFRGKATLTADKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYFCGSGYFD
YWGQGTTLTVSS (SEQ ID NO: 143)
- [0495] 7-08 경쇄 가변 영역
- [0496] DVVMTQTPLTSLVTIGQPASISCKSSQSLLYSNGKTYLNWLLQSPGQSPKLLIYLVSKLESGVPDRFSGSGSGDTFTLKL SRVEADLGVVYCVQGTHTFPPT
FSGTKLEIK (SEQ ID NO: 144)
- [0497] **토끼 mAb 서열**
- [0498] A11B1_16G7 중쇄
- [0499] METGLRWLLLVAVFKGVQCQEQLVESGGDLVKPGASLTCTASGFSFNKNYMCWVRQAPGKGLEWIGCIYNGDGNYYASWVNGRFTISKTSSTTVTLQM
TSLTVADTAIFYCARLLNMWPGTLVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSPSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPSPVRQSSGLYSLSSVSVT
SSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPPLREQQFNS
TIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAPIEKTISKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAEDNYKTTPTVLDS
DGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 159)
- [0500] A11B1_16G7 경쇄
- [0501] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGARCADIVMTQTPASVEAAVGGTVTIKCQASEISIGNALAWYQKPGQPPKLLIYTAATLASGVPSRFSGSGSGTEFTLTISGVQ
CDDAATYYCQSYFYFTSVSSYGNAFGGGTEVVVKGDPVAPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 160)
- [0502] A11B1_16E10 중쇄
- [0503] METGLRWLLLVAVLKGVCQSLEESGGDLVKPGASLTCTRVSGFSFSSSYMCWVRQAPGKGLEWIIACIGTTRGSTYYATWAKGRFTISKISSTTVTLQMT
SLTDADTATIFYCARDATGYRINTIGLYFNLWPGTLVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSPSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPSPVRQSSG
LYSLSSVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTA
RPPLREQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAPIEKTISKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAED
NYKTTPTVLDSGYSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 161)
- [0504] A11B1_16E10 경쇄
- [0505] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGARCAFELTQTPSSVEAAVGGTPTIKCQASQTIYSYLSWYQKPGQPPKLLIYEASKLASGVPSRFSGSGSGTDYTLTISDLEC
ADAATYYCQSYHGTASTEYNTFGGGTEVVVRGDPVAPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSSLT
TLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 162)
- [0506] A11B1_15G10 중쇄
- [0507] METGLRWLLLVAVLKGVCQQQLVESGGGLVPGAALTFTCTASGFSFSGNYWICWVRQAPGKGLEWIIACIGTITSRTYYASWAKGRFTISKTSSTTVTLQM
TSLTAADTATIFYCARGAVVSSGNAPYYFTLWPGTLVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSPSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPSPVRQSSG
LYSLSSVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTA
RPPLREQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAPIEKTISKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAED
NYKTTPTVLDSGYSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 163)
- [0508] A11B1_15G10 경쇄
- [0509] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGARCAFELTQTPSSVEAAVGGTPTIKCQASQSISSYLSWYQKPGQPPKLLIYRASTLESVPSRFKSGSGTEFTLTISDLEC
ADAATYFCQSYGVTFSGFAFGGGTEVVVKGDPVAPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSSLT

LTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 164)

[0510] A11B1_14H1 중쇄

[0511] METGLRWLLLVAVLKGVCQCSLEESGGDLVKPGASLTLTCKASGIDFNWYITWVRQAPGKGLEWIAICYVGITGRWTYANWAKGRFTISKASSTVDLKMTSLTAADATATYFCARNGDGGIYALNLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSSSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFSPVRQSSGLYSLSSVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPLREQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTSKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAEDNYKTTPTVLSDSGSYFLYKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 165)

[0512] A11B1_14H1 경쇄

[0513] MDTRAPTQLLGLLLLWLPATFAQVLTQTASSVSAVGGTVTISCQSSQSVYNNNLAWYQQKPGQPPKLLIYRASTLTSGVPSRFKSGSGTQFTLTISDL ECDDAATYYCAGGYSGNIYVNDFGGGTEVVVKGDVPVPTVIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSSTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 166)

[0514] A11B1_13G4 중쇄

[0515] METGLRWLLLVAVLKGVCQEQLEESGGDLVKPGGSLTLTCKASGFSFNTYWACWVRQAPGKGLEWIACMNPASSGSSYYASWAKGRFTISKTSSTTVTLHMPSLTAADATATYFCAKWDATFVWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSSSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFSPVRQSSGLYSLSSVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPLREQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTSKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAEDNYKTTPVLSDSGSYFLYKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 167)

[0516] A11B1_13G4 경쇄

[0517] MDTRAPTQLLGLLLLWLPARGADVMTQTPSSVEAAVGGTVTIKCQASQSISSYLAWYQQKPGQPPKLLIYGASNLESGVPSRFKSGSGTEYTLTISGVQCDDAATYYCQNYAIDTYGHAFGGGTEVVVKGDVPVPTVIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSSTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 168)

[0518] A11B1_13C3 중쇄

[0519] METGLRWLLLVAVLKGVCQEQLEESGGDLVKPGASLTLTCTASGFSFSSNYHCWVRQAPGKGLEL IACIYVGDGSTYYASWAKGRFTISKSSSTTVLQMTSLTAADATATYFCGRMFLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSSSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFSPVRQSSGLYSLSSVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPLREQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTSKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAEDNYKTTPVLSDSGSYFLYKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 169)

[0520] A11B1_13C3 경쇄

[0521] MDTRAPTQLLGLLLLWLPAGICDPVLTQTPSSVSAVGVTVTINCQSSPSVSYNLSWYQQKPGQPPKLLIYLASTLASGVPSRFKSGSGTQFTLTISDVQCDDAATYYCAGTYSGNIWSFGGGTEVVVKGDVPVPTVIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSSTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 170)

[0522] A11B1_12F2 중쇄

[0523] METGLRWLLLVAVLKGVCQQQLVESGGGLVKPGASLTLTCTASGFSFSSGYHMCWVRQAPGKGLEWIAFCGVYTGTTTYASWAKGRFTISKTSSTTVTLQMTSLTVADTATYFCARISAENGDLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSSSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFSPVRQSSGLYSLSSVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPLREQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTSKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAEDNYKTTPTVLSDSGSYFLYKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 171)

[0524] A11B1_12F2 경쇄

[0525] MDTRAPTQLLGLLLLWLPARGDVMTQTPASVEAAVGGTVTIKCQASQSI SNYFSWYQQKPGQPPKLLIYRASTLASGVPSRFSGSGTEFTLTISDLECADSATYYCQCTYGSSTGFGGGTEVVVKGDVPVPTVIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSSTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 172)

[0526] A11B1_11D10 중쇄

[0527] METGLRWLLLVAVLKGVCQCSLEESGGDLVKPGASLTLTCMASGIDFSSGYGMWVRQAPGKGLEYIGYIDTGDNTYYANWAKGRFTISKTSSTTVTLQMT

SLTVADTATYFCAKGGAIDLWPGTLVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTPSSTVTGLCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPVSRQSSGLYSLSSVSV
TSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPLREQQFN
STIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDI SVEWEKNGKAEDNYKTTPTVLD
SDGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 173)

[0528] A11B1_11D10 경쇄

[0529] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGARCADI VMTQTPASVEAAVGGTVTIKCQASQSISSYLAWYQQKPGQRPKLLIYRASTLKSQVPSRFGSGSGTEYTLTISDLE
CADAATYYCQAYYLSSSI SYGNTFGGGTEVVVKGDVPVPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 174)

[0530] A11B1_10F9 중쇄

[0531] METGLRWLLLVAVLKGVQCQSLEESGGDLVKPGASLTCTASGFSLSGSGYMCWVRQAPGKGLEWIGYTDATGTIHYASWAKGRFTISKTSSTTVTLQMT
SLTAADTATYFCAKGAMDLWPGTLVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTPSSTVTGLCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPVSRQSSGLYSLSSVSV
TSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPLREQQFN
STIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDI SVEWEKNGKAEDNYKTTPTVLD
SDGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 175)

[0532] A11B1_10F9 경쇄

[0533] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGARCADI VMTQTPASVEAAVGGTVTIKCQASQSISSYLAWYQQKPGQPPKLLIYRTSTLASQVPSRFGSGSGTEYTLTISDLE
CADAATYYCQSYAYSSSSSYGNAFGGGTEVVVKGDVPVPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 176)

[0534] A11B1_7H12 중쇄

[0535] METGLRWLLLVAVLKGVQCQSLEESGGDLVKPGASLTCTGSGIDFSSSYWICWVRQAPGKGLEWIIACIDGSDGNTYYASWARGRFTISKTSSTTVTLQMA
SLTAADTATYFCTRDRLWPGTLVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTPSSTVTGLCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPVSRQSSGLYSLSSVSVTS
SSQPVTNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPLREQQFNST
IRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDI SVEWEKNGKAEDNYKTTPTVLDSD
GSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 177)

[0536] A11B1_7H12 경쇄

[0537] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGARCADI VLTQTPASVSAVGGTVTINCQASQNVYSNNALAWHQKPGQRPNLLIYKASTLASQVPSRFGSGSGTQFTLTISD
VQCDDAATYYCLGEFSCSSGDCVFVGGGTEVVVKGDVPVPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLS
STLTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 178)

[0538] A11B1_7G12 중쇄

[0539] METGLRWLLLVAVLKGVQCQSLEESGGDLVKPGASLTTCMASGIDFSSGYMWWVRQAPGKGLEWIGYIDTGDNTYYANWAKGRFTISKTSSTTVTLQMT
SLTVADTATYFCAKGGAIDLWPGTLVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTPSSTVTGLCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPVSRQSSGLYSLSSVSV
TSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPLREQQFN
STIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDI SVEWEKNGKAEDNYKTTPTVLD
SDGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 179)

[0540] A11B1_7G12 경쇄

[0541] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGARCADI VMTQTPASVEAAVGGTVTIKCQASQSISSYLAWYQQKPGQRPKLLIYRASTLKSQVPSRFGSGSGTEYTLTISDLE
CADAATYYCQAYYLSSSI SYGNTFGGGTEVVVKGDVPVPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 180)

[0542] A11B1_6G4 중쇄

[0543] METGLRWLLLVAVLKGVQCQQLEESGGGLVKPGGTLTLTCKASGVALNPYYMCWVRQAPGKGLEWIIACVDADSSGSTYYASWAKGRFTISKTSSTTVTLK
MTSLTAADTATYFCARESDYSSVGIGYVHGTDLWPGTLVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTPSSTVTGLCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPV
RQSSGLYSLSSVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNE
QVRTARPLREQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDI SVEWEKN
KAEDNYKTTPTVLDSDGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 181)

- [0544] A11B1_6G4 경쇄
- [0545] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGARCADIVVTQTPSSVSAAVGGTVTIKCQASQSI SNYFSWYQQKPGQPPKLLIYRASTLASGVPSRFKSGSGSTEFTLTISDLE
CADAATYYCQCTYGRSNSNFFYGFGGGTEVVVKGDPVAPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTGIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 182)
- [0546] A11B1_6F9 중쇄
- [0547] METGLRWLLLVAVLKGVQCQSLEESGGDLVKPGASLTLTCTASGSSFSSTYWNQWVRQAPGKGLEWIAICINAGSGTTYASWAKGRFTVSKTSSTTVTLQMT
SLTAADTATYFCTRSDGRFSSGYFNLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSSSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPFSVRQSSGLY
SLSSVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARP
PLREQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAEDNY
KTTPTVLSDSGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 183)
- [0548] A11B1_6F9 경쇄
- [0549] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGATFAQVLTQTASPVSAAVGGTVTINCQSSQSVYDNNWLAWYQQKPGQPPKLLIDDASKLTSGVSSRFKSGSGTQFTLTISGV
QCDDAATYYCQAYYSSGWYAFGGGTEVVVKGDPVAPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTGIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 184)
- [0550] A11B1_6C7 중쇄
- [0551] METGLRWLLLVAVLKGVQCQQLLEESGGGLVKPGGTLTLTCKASGIDFSSYYMCMWVRQAPGKGLELIVCIYTSSGGTWYASWVNGRLTISRSTSLNTVDLK
MTSLTAADTATYFCARGVYSGSSDYPTRLDLWGQGLTVTVSLGQPKAPSVFPLAPCCGDTSSSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPFSVRQSS
GLYSLSSVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRT
ARPPLREQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAE
DNYKTTPTVLSDSGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 185)
- [0552] A11B1_6C7 경쇄
- [0553] MDTSTSTALLGLLLLWLTGARCAIEMTQSPPSLSASVGETVRI RCLASEDIYSGISWYQQKPEKPPTLLISGASNLESGVPPRFSGGGSGTDYTLTIGGVQA
EDVATYYCLGGYSFSSSTGLTFGAGTKVEIKRDPVAPSVLLFPFSKEELTTGTATIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTGIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 186)
- [0554] A11B1_6B6 중쇄
- [0555] METGLRWLLLVAVLKGVQCQHLVESGGGLVKPGASLTLTCTASGFSFTTGHYMCMWVRQAPGKGLEWIAICFGVYTSTTTYASWAKGRFTISKTSSTTVTLQM
TSLTVADTATYFCARISAEDGGDLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSSSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPFSVRQSSGLYSLSS
VSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPPLRE
QQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAEDNYKTTP
TVLSDSGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 187)
- [0556] A11B1_6B6 경쇄
- [0557] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGARCDVMTQTPASVEAAVGGTVTITCQASQSI SNYFSWYQQKPGQPPKLLIYRASTLASGVPSRFSGSGSGTQFTLTISDLEC
ADSATYACQCTYGSSTGFSGGGTEVVVKGDPVAPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTGIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 188)
- [0558] A11B1_5F7 중쇄
- [0559] METGLRWLLLVAVLKGVQCQSLEESGGDLVKPGASLTLTCKASGFSFSSYFWICWVRQAPGKGLEWSACIYGDSSGSSYYASWAKGRFTISKTSSTTVTLQM
TSLTAADTATYFCASYGSSSYNNLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSSSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPFSVRQSSGLYSL
SSVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPPL
REQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAEDNYKT
TPTVLSDSGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 189)
- [0560] A11B1_5F7 경쇄
- [0561] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGAICDPVMTQTPSSSTAAGGTVTISCQSSQSVYNNNWLAWYQQKPGQPPKRLIYESSKLASGVPSRFRGSGSGAQFTLTISDL
ECDDAATYYCLGAYYTTLDFGGGTEVVVRGDPVAPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTGIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTL

TSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 190)

[0562] A11B1_5D7 중쇄

[0563] METGLRWLLLVAVLKGVCQCEQLVESGGGLVQPEGLTLTCKASGDFSSNAMCWVRQAPGKGLEW IACIYNGDGSTYYASWVNGRFTISKTSSTTVTLQMT
SLTAADTATYFCARGLSNWNRDNLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSSSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPSVRQSSGLYSLSS
VVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVPSTCSKPMCPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPLRE
QQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDI SVEWEKNGKAEDNYKTP
TVLDSGDFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 191)

[0564] A11B1_5D7 경쇄

[0565] MDTRAPTQLLGLLLLWLPATFAQVLTQTPSSVSAVGGTATINCQASQSLYSPKNLAWYQQTPGQPPKLLIYSASKLASGVPSRFKSGSGTQFTLTISGV
QCDDAAIYYCQGEFSCCTAACFAFGGTEVVVKGDPVAPTIVLIFPPAADQVATGVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTTGIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 192)

[0566] A11B1_5A7 중쇄

[0567] METGLRWLLLVAVLKGVCQSLEESGGGLVQPEGLTLACTASGFSFSSYYYICWVRQAPGTGLEWIGCINTGSDDTHYASWLKGRFTFSKASSTTLTLQMT
SLTAADTATYFCARSSGSDDAYDLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSSSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPSVRQSSGLYSLSS
SVVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVPSTCSKPMCPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPLR
EQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDI SVEWEKNGKAEDNYKT
PTVLDSDGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 193)

[0568] A11B1_5A7 경쇄

[0569] MDTRAPTQLLGLLLLWLPARGCDVMTQTPASVSEPVGAVTIKQASQSIGSNLAWYQHKPGQPPKLLIYFASSLASGVSSRFKGGSGTQFTLTISDLEC
ADAATYYCHCTYYPLSYVTFGGGTEVVVKGDPVAPTIVLIFPPAADQVATGVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTTGIENSKTPQNSADCTYNLSS
TSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 194)

[0570] A11B1_4E1 중쇄

[0571] METGLRWLLLVAVLKGVCQSLEESGGDLVKPGTSLTSLCTASGFSFGSSYYMCWVRQAPGKGLEW IACIDVGSGDYYASWVNGRFTISKTSSTTVTLQM
TSLTAADTATYFCARDDTAAGGFGNLELWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSSSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPSVRQSSGLY
SLSSVSVTSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVPSTCSKPMCPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTAR
PLREQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDI SVEWEKNGKAEDNY
KTPTVLDSDGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 195)

[0572] A11B1_4E1 경쇄

[0573] MDTRAPTQLLGLLLLWLPARGCAFELTQTPSSVSEPVGTVTIKQASQSIYSYFSWYQQKPGQPPKRLIYQASTLASGVPSRFKSGSGTDFTLTISDLEC
ADAATYYCQNNYGRGSGSYFFGGGTEVVVKGDPVAPTIVLIFPPAADQVATGVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTTGIENSKTPQNSADCTYNLSS
LTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 196)

[0574] A11B1_3H9 중쇄

[0575] METGLRWLLLVAVLKGVCQSLEESGGDLVKPGASLTCTCKASGIDFSSGYGMWVRQAPGKGLEW IGYIDTGSSTYYANWAKGRFTISKTSSTMTLQMT
SLTVADTATYFCAKGAIDLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSSSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPSVRQSSGLYSLSSVSV
TSSSQPVTCNVAHPATNTKVDKTVPSTCSKPMCPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPLREQQFN
STIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDI SVEWEKNGKAEDNYKTPTVLD
SDGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 197)

[0576] A11B1_3H9 경쇄

[0577] MDTRAPTQLLGLLLLWLPARGCADIVMTQTPASVEAAVGGTVTIKQASQSISSYLAWYQQKPGQRPKLLIYRASTLASGVPSRFKSGSGTDYTLTISDLE
CADAATYYCHTYLSSSI SYGNTFGGGTEVVVKGDPVAPTIVLIFPPAADQVATGVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTTGIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 198)

[0578] A11B1_3G2 중쇄

[0579] METGLRWLLLVAVLKGVCQCEQLVESGGDLVKPEGLTLTCKASGFSFSSIIYICWVRQAPGKGLEW IACTTVKSGRYYANWAKGRFTISKTSSTTVTLQ

MTSLTAADTATYFCAREFVDGGSSGRDLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSPSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPSPVRQSSGL
YSLSSVSVTSSSQPVCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVVRTAR
PPLREQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAEDN
YKTTPTVLDSDGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 199)

[0580] A11B1_3G2 경쇄

[0581] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGARCAIDMTQTPASVEAAVGGTVTIKCQASQSI SRDLWYQQKPGQPPKRLIYKASTLASGVPSRFKSGSGTDFLTITSDLEC
ADAATYYCQGYSSIDVDNDFGGGTEVVVGDPVAPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSSLT
LTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 200)

[0582] A11B1_3B1 중쇄

[0583] METGLRWLLLVAVLKGVQCQEELSESGGLVKPEGSLTLTCKASGFDLSSGYDMCWVRQAPGKGLEWIACIYADYSGSTYYASWVNGRFTISSSTSLNTVDL
KMTSLTAADTATYFCARGATNGGGYGYFNLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSPSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPSPVRQSS
GLYSLSSVSVTSSSQPVCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRT
ARPPLEQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAE
DNYKTTPTVLDSDGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 201)

[0584] A11B1_3B1 경쇄

[0585] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGARCAIDVMTQTPASVSEPVGGTVTIKCQASQNI NSGLAWYQQKPGQPPKLLIYKASTLASGVSSRFKSGSGTEFTLTISDLE
CADAATYYCQTYYYSSSSDNAGGGTEVVVGDPVAPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 202)

[0586] A11B1_2D3 중쇄

[0587] METGLRWLLLVAVLKGVQCQSLEESGGDLVKPGASLTLTCTASGFSFSSSYWICWVRQAPGKGLEWIACIYGGSSGNIAYASWAKGRFTISKTSSTTVTLQM
TSLTAADTATYFCARDIPSDAFTLDLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSPSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPSPVRQSSGLYSL
SSVSVTSSSQPVCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPP
REQQFNSTIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAEDNYKT
TPTVLDSDGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 203)

[0588] A11B1_2D3 경쇄

[0589] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGATFAQVLTQTPSSVSAAVGSTVTINCQASQSVYKDNNAWYQQKPGQPPKLLIYKASTLASGVPSRFKSGSGTQFTLTISGV
QCEDAATYYCQGEFSCGSADCIAGGGTEVVVGDPVAPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSS
TLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 204)

[0590] A11B1_2A7 중쇄

[0591] METGLRWLLLVAVLKGVQCQSLEESGGDLVKPGASLTLTCKGSGIDFSSGYGMWVRQAPGKGLEWIGYIDTGYGSTYYASWAKGRFTISKTSSTTVTLQMT
SLTVADTATYFCAKGGAIDLWGPGLTVTVSSGQPKAPSVFPLAPCCGDTSPSTVTLGCLVKGYLPEPVTVTWNSGTLTNGVRTFPSPVRQSSGLYSLSSVSV
TSSSQPVCNVAHPATNTKVDKTVAPSTCSKPMCPPELPGGPSVFIFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSQDDPEVQFTWYINNEQVRTARPPLEQQFN
STIRVVSTLPIAHQDWLRGKEFKCKVHNKALPAIEKTI SKARGQPLEPKVYTMGPPREELSSRSVSLTCMINGFYPSDISVEWEKNGKAEDNYKTTPTVLD
SDGSYFLYSKLSVPTSEWQRGDVFTCSVMHEALHNHYTQKSI SRSPGK* (SEQ ID NO: 205)

[0592] A11B1_2A7 경쇄

[0593] MDTRAPTQLLGLLLLWLPGATFAAVLTQTPASTSAAVGGTVTINCQSSQSVYRSNWLAWYQQKPGQPPKLLIYDVFNLASGVPSRFKSGSGTQFTLTISGV
QCADAATYYCQGSYYSGNWYSAFGGGTEVVVGDPVAPTVLIFPPAADQVATGTVTIVCVANKYFPDVTVTWEVDGTTQTGTIENSKTPQNSADCTYNLSS
LTLTSTQYNHKEYTCKVTQGTTSVVQSFNRGDC* (SEQ ID NO: 206)

[0594] 인간 *mAb* 서열

[0595] 중쇄 및 경쇄 가변 영역 서열

2004_04_B03

중쇄 FR1	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 208)
중쇄 CDR1	GFTFSNYG (SEQ ID NO: 209)
중쇄 FR2	MNWVRQAPGKGLEWVS (SEQ ID NO: 210)
중쇄 CDR2	ISSSGSTV (SEQ ID NO: 211)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKNSLYLQMNSLRDEDTAVYYCAS (SEQ ID NO: 212)
중쇄 CDR3	GQLDTSDAFDI (SEQ ID NO: 213)
중쇄 FR4	WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO: 214)
중쇄 V 유전자 세그먼트	IGHV3-48
경쇄 FR1	DIEMTQSPSPSPASVGDRTITCRAS (SEQ ID NO: 215)
경쇄 CDR1	QSISSY (SEQ ID NO: 216)
경쇄 FR2	LNWYQQKPGKAPKLLIY (SEQ ID NO: 217)
경쇄 CDR2	AAS (SEQ ID NO: 218)
경쇄 FR3	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFLTITSSLPEDFATYYC (SEQ ID NO: 219)
경쇄 CDR3	QQSYSTPLT (SEQ ID NO: 220)
경쇄 FR4	FGGGTKVEIK (SEQ ID NO: 221)
경쇄 V 유전자 세그먼트	IGKV1-39; IGKV1D-39
경쇄 유전자좌	카파

[0596]

2004_05_A06

중쇄 FR1	EVQLLESGGGVVQSGRSLRVSCAAS (SEQ ID NO: 222)
중쇄 CDR1	GFSFSSYG (SEQ ID NO: 223)
중쇄 FR2	MHWVRQAPGKGLEWVS (SEQ ID NO: 224)
중쇄 CDR2	ISSSGSTI (SEQ ID NO: 225)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 226)
중쇄 CDR3	DLGHFDGSSYFDY (SEQ ID NO: 442)
중쇄 FR4	WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO: 214)
중쇄 V 유전자 세그먼트	IGHV3-48
경쇄 FR1	DIQMTQSPSSLASVGDRTITCRAS (SEQ ID NO: 227)
경쇄 CDR1	QGISNY (SEQ ID NO: 228)
경쇄 FR2	LAWYQQKPGKVPKLLIY (SEQ ID NO: 229)
경쇄 CDR2	AAS (SEQ ID NO: 218)
경쇄 FR3	TLQSGVPSRFSGSGSGTDFLTITSSLPEDFATYYC (SEQ ID NO: 230)
경쇄 CDR3	QQSYSTPLT (SEQ ID NO: 220)
경쇄 FR4	FGGGTKVEVK (SEQ ID NO: 231)
경쇄 V 유전자 세그먼트	IGKV1-27
경쇄 유전자좌	카파

[0597]

2004_04_C12

중쇄 FR1	EVQLLESGGGVVQPGKSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 232)
중쇄 CDR1	GFTFSNYG (SEQ ID NO: 209)
중쇄 FR2	MNWVRQAPGKGLEWVS (SEQ ID NO: 210)
중쇄 CDR2	ISSSSSTI (SEQ ID NO: 233)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKNSLYLQMNSLRDEDTAVYYCAS (SEQ ID NO: 212)
중쇄 CDR3	GQDXSDAFDI (SEQ ID NO: 234)
중쇄 FR4	WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO: 214)
중쇄 V 유전자 세그먼트	IGHV3OR16-8
경쇄 FR1	DIEMTQSPSPSPASVGDRTITCRAS (SEQ ID NO: 215)
경쇄 CDR1	QSISSY (SEQ ID NO: 216)
경쇄 FR2	LNXYQQKPGKAPKLLXY (SEQ ID NO: 235)
경쇄 CDR2	XAS (SEQ ID NO: 236)
경쇄 FR3	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFLTITSSLPEDXATYYC (SEQ ID NO: 237)
경쇄 CDR3	QQSYSTPLT (SEQ ID NO: 220)
경쇄 FR4	FGGGKXKXKX (SEQ ID NO: 238)
경쇄 V 유전자 세그먼트	IGKV1-39; IGKV1D-39
경쇄 유전자좌	카파

[0598]

2002_02_B07

중쇄 FR1	EVQLLESGGGVVQPGRLRLSCAAS (SEQ ID NO: 232)
중쇄 CDR1	GFTFSTYG (SEQ ID NO: 436)
중쇄 FR2	MHWVRQAPGKGLEWVSY (SEQ ID NO: 224)
중쇄 CDR2	ISSSGSTI (SEQ ID NO: 225)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFAISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTALYYCAK (SEQ ID NO: 239)
중쇄 CDR3	ATRYDILTGYSDGVDYFDY (SEQ ID NO: 240)
중쇄 FR4	WGQGLTLTVSS (SEQ ID NO: 214)
중쇄 V 유전자 세그먼트	IGHV3-48
경쇄 FR1	DIQMTQSPSSLSASVGRVTITCRAS (SEQ ID NO: 227)
경쇄 CDR1	QSISSY (SEQ ID NO: 216)
경쇄 FR2	LNWYQQKPGKAPKLLIY (SEQ ID NO: 217)
경쇄 CDR2	AAS (SEQ ID NO: 218)
경쇄 FR3	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC (SEQ ID NO: 219)
경쇄 CDR3	HQSYSTPYT (SEQ ID NO: 241)
경쇄 FR4	FGQGKLEIK (SEQ ID NO: 242)
경쇄 V 유전자 세그먼트	IGKV1-39; IGKV1D-39
경쇄 유전자좌	카파

[0599]

2004_05_B04

중쇄 FR1	QVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 243)
중쇄 CDR1	GFTFSSYW (SEQ ID NO: 437)
중쇄 FR2	MSWVRQAPGKGLEWVAN (SEQ ID NO: 244)
중쇄 CDR2	IKQDGSEK (SEQ ID NO: 245)
중쇄 FR3	YYVDSVKGRTISRDNKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 246)
중쇄 CDR3	VTSPHAFDI (SEQ ID NO: 247)
중쇄 FR4	WGRGTLTVSS (SEQ ID NO: 248)
중쇄 V 유전자 세그먼트	IGHV3-7
경쇄 FR1	DIQMTQSPSAMSASVGRVTITCRAS (SEQ ID NO: 249)
경쇄 CDR1	QGISNY (SEQ ID NO: 228)
경쇄 FR2	LAWFQQKPGKVPKRLIY (SEQ ID NO: 250)
경쇄 CDR2	AAS (SEQ ID NO: 218)
경쇄 FR3	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYC (SEQ ID NO: 219)
경쇄 CDR3	QQSYSTPLT (SEQ ID NO: 220)
경쇄 FR4	FGGGTKVEVK (SEQ ID NO: 231)
경쇄 V 유전자 세그먼트	IGKV1-39; IGKV1D-17; IGKV1D-39
경쇄 유전자좌	카파

[0600]

2003_03_E12

중쇄 FR1	QVQLVESGGGVVRPGGSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 251)
중쇄 CDR1	GFTFDDYG (SEQ ID NO: 438)
중쇄 FR2	MSWVRQAPGKGLEWVSG (SEQ ID NO: 252)
중쇄 CDR2	INWNGGST (SEQ ID NO: 253)
중쇄 FR3	GYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRGEDTAVYYCVT (SEQ ID NO: 254)
중쇄 CDR3	QGSAFDI (SEQ ID NO: 255)
중쇄 FR4	WGRGTLTVSS (SEQ ID NO: 248)
중쇄 V 유전자 세그먼트	IGHV3-20
경쇄 FR1	SYELTQPPSLSVSPGQTARITCSGD (SEQ ID NO: 256)
경쇄 CDR1	ALAKQY (SEQ ID NO: 257)
경쇄 FR2	AYWYQQIPGQAPVLVIY (SEQ ID NO: 258)
경쇄 CDR2	KDT (SEQ ID NO: 259)
경쇄 FR3	ERPSGIPERFSGSSSGTTVLTISGVQAEDEVYYC (SEQ ID NO: 260)
경쇄 CDR3	QSTDSSGTQV (SEQ ID NO: 261)
경쇄 FR4	FGGGTKLTVL (SEQ ID NO: 262)
경쇄 V 유전자 세그먼트	IGLV3-25
경쇄 유전자좌	람다

[0601]

1994_01_C07

중쇄 FR1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS (SEQ ID NO: 263)
중쇄 CDR1	GYTFTSYG (SEQ ID NO: 439)
중쇄 FR2	ISWVRQAPGQGLEWMGW (SEQ ID NO: 264)
중쇄 CDR2	ISAYNGNT (SEQ ID NO: 265)
중쇄 FR3	NYAQLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDTAAYCAR (SEQ ID NO: 266)
중쇄 CDR3	VTGITGTTIDP (SEQ ID NO: 267)
중쇄 FR4	WGQGTMTVSS (SEQ ID NO: 268)
중쇄 V 유전자 세그먼트	IGHV1-18
경쇄 FR1	DIQMTQSPSSLASVGDRTITCRAS (SEQ ID NO: 227)
경쇄 CDR1	QSISSY (SEQ ID NO: 216)
경쇄 FR2	LNWYQQKPGKAPKLLIY (SEQ ID NO: 217)
경쇄 CDR2	DAS (SEQ ID NO: 269)
경쇄 FR3	SLESGVPSRFSGSGSGTEFTLTISLQPDFAVYYC (SEQ ID NO: 270)
경쇄 CDR3	QQYNNWPQT (SEQ ID NO: 271)
경쇄 FR4	FGQGTKVEIK (SEQ ID NO: 272)
경쇄 V 유전자 세그먼트	IGKV1-13; IGKV1D-13
경쇄 유전자좌	카파

[0602]

1995_01_G07

중쇄 FR1	QVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 273)
중쇄 CDR1	GFTFSSYA (SEQ ID NO: 440)
중쇄 FR2	MSWVRQAPGKGLEWYSA (SEQ ID NO: 274)
중쇄 CDR2	ISGSGGST (SEQ ID NO: 275)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 276)
중쇄 CDR3	DYGGYDGVYFDY (SEQ ID NO: 277)
중쇄 FR4	WGRGTLTVSS (SEQ ID NO: 248)
중쇄 V 유전자 세그먼트	IGHV3-23
경쇄 FR1	SYELTQDPAVSVALGQTVRITCQGD (SEQ ID NO: 278)
경쇄 CDR1	SLRSYY (SEQ ID NO: 279)
경쇄 FR2	ASWYQQKPGQAPVLVIY (SEQ ID NO: 280)
경쇄 CDR2	GKN (SEQ ID NO: 281)
경쇄 FR3	NRPSGIPDRFSGSSSGNTASLTITGAQAEDEADYYC (SEQ ID NO: 282)
경쇄 CDR3	NSRDSSGNHVV (SEQ ID NO: 283)
경쇄 FR4	FGGGTKVTVL (SEQ ID NO: 284)
경쇄 V 유전자 세그먼트	IGLV3-19
경쇄 유전자좌	람다

[0603]

1995_01_G05

중쇄 FR1	EVQLLESGGGLVKPGGSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 285)
중쇄 CDR1	GFTFSSYA (SEQ ID NO: 440)
중쇄 FR2	MHWVRQAPGKGLEWVAV (SEQ ID NO: 286)
중쇄 CDR2	ISYDGSNK (SEQ ID NO: 287)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFAISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 288)
중쇄 CDR3	DRDVGPTYYYGMDV (SEQ ID NO: 289)
중쇄 FR4	WGQGTMTVSS (SEQ ID NO: 268)
중쇄 V 유전자 세그먼트	IGHV3-30
경쇄 FR1	SYELTQPPSLSVSPGQTARITCSGH (SEQ ID NO: 290)
경쇄 CDR1	ALPKQY (SEQ ID NO: 291)
경쇄 FR2	AYWYQQTPGQAPVLVIY (SEQ ID NO: 258)
경쇄 CDR2	KDT (SEQ ID NO: 259)
경쇄 FR3	ERPSGIPERFSGSSSGTTVTLTISGVQAEDEADYYC (SEQ ID NO: 292)
경쇄 CDR3	QSADSSGPYQV (SEQ ID NO: 293)
경쇄 FR4	FGGGTQLTVL (SEQ ID NO: 294)
경쇄 V 유전자 세그먼트	IGLV3-25
경쇄 유전자좌	람다

[0604]

2004_03_G10

중쇄 FR1	EVQLLESGGGVVPGRSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 232)
중쇄 CDR1	GFTFSSYA (SEQ ID NO: 440)
중쇄 FR2	MSWVRQAPGKGLEWVSA (SEQ ID NO: 274)
중쇄 CDR2	ISGSGGST (SEQ ID NO: 275)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAK (SEQ ID NO: 295)
중쇄 CDR3	DREYIAVAADY (SEQ ID NO: 296)
중쇄 FR4	WGQGTITVTVSS (SEQ ID NO: 297)
중쇄 V 유전자 세그먼트	IGHV3-23
경쇄 FR1	DIQMTQSPSSLSASVGDITISITCRAS (SEQ ID NO: 298)
경쇄 CDR1	QSISSY (SEQ ID NO: 216)
경쇄 FR2	LNWYQQKPKAPKLLIY (SEQ ID NO: 217)
경쇄 CDR2	AAS (SEQ ID NO: 218)
경쇄 FR3	SLQSGVPSRFSGSGSRITDFTLTISVQPEDFATYYC (SEQ ID NO: 299)
경쇄 CDR3	QQSYSTPFT (SEQ ID NO: 300)
경쇄 FR4	FGPGTKVEIK (SEQ ID NO: 301)
경쇄 V 유전자 세그먼트	IGKV1-39; IGKV1D-39
경쇄 유전자좌	카파

[0605]

2002_02_B05

중쇄 FR1	EVQLLESGGGVVPGRSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 232)
중쇄 CDR1	GFTFSTYG (SEQ ID NO: 436)
중쇄 FR2	MHWVRQAPGKGLEWVSY (SEQ ID NO: 224)
중쇄 CDR2	ISSSGSTI (SEQ ID NO: 225)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFAISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTALYYCAK (SEQ ID NO: 239)
중쇄 CDR3	ATRYDILTGYSDGVDFDY (SEQ ID NO: 240)
중쇄 FR4	WGQGTILTVTVSS (SEQ ID NO: 214)
중쇄 V 유전자 세그먼트	IGHV3-48
경쇄 FR1	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRAS (SEQ ID NO: 227)
경쇄 CDR1	QSISSY (SEQ ID NO: 216)
경쇄 FR2	LNWYQQKPKAPKLLIY (SEQ ID NO: 217)
경쇄 CDR2	AAS (SEQ ID NO: 218)
경쇄 FR3	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYC (SEQ ID NO: 219)
경쇄 CDR3	QQSYSTPFT (SEQ ID NO: 300)
경쇄 FR4	FGPGTKVEIK (SEQ ID NO: 301)
경쇄 V 유전자 세그먼트	IGKV1-39; IGKV1D-39
경쇄 유전자좌	카파

[0606]

2003_03_F05

중쇄 FR1	EVQLVESGAIEVKKPGASVKVSCAS (SEQ ID NO: 302)
중쇄 CDR1	GYTFTRY (SEQ ID NO: 441)
중쇄 FR2	MHWVRQAPGQGLEWMGI (SEQ ID NO: 303)
중쇄 CDR2	INPSGGST (SEQ ID NO: 304)
중쇄 FR3	IYAQKFQGRVTMTSDTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 305)
중쇄 CDR3	SLRDGYNYIGSLGY (SEQ ID NO: 306)
중쇄 FR4	WGQGTILTVTVSS (SEQ ID NO: 214)
중쇄 V 유전자 세그먼트	IGHV1-46
경쇄 FR1	QSELTQPPSASGTPGQRTISCSGS (SEQ ID NO: 307)
경쇄 CDR1	SSNIGSNY (SEQ ID NO: 308)
경쇄 FR2	VYWYQQLPGTAPKLLIY (SEQ ID NO: 309)
경쇄 CDR2	RNN (SEQ ID NO: 310)
경쇄 FR3	QRPSGVPDRFSGSKSGTSASLAIRGLQSEDEAGYYC (SEQ ID NO: 311)
경쇄 CDR3	AAWDDSLNGLNWV (SEQ ID NO: 207)
경쇄 FR4	FGGGTQLTVL (SEQ ID NO: 294)
경쇄 V 유전자 세그먼트	IGLV1-44; IGLV1-47
경쇄 유전자좌	람다

[0607]

1994_01_A07

중쇄 FR1	QVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 243)
중쇄 CDR1	GFTFDYA (SEQ ID NO: 312)
중쇄 FR2	MHWVRQAPGKLEWVSG (SEQ ID NO: 313)
중쇄 CDR2	ISWNNGST (SEQ ID NO: 314)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAG (SEQ ID NO: 315)
중쇄 CDR3	GSRRYDSSGYYYESFDY (SEQ ID NO: 316)
중쇄 FR4	WGQGTITVTVSS (SEQ ID NO: 297)
경쇄 FR1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS (SEQ ID NO: 227)
경쇄 CDR1	QSISSY (SEQ ID NO: 216)
경쇄 FR2	LNWYQQKPGKAPKLLIY (SEQ ID NO: 217)
경쇄 CDR2	DAS (SEQ ID NO: 269)
경쇄 FR3	NLETGVPSPRFGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYC (SEQ ID NO: 317)
경쇄 CDR3	QQSYHTIPYT (SEQ ID NO: 318)
경쇄 FR4	FGQGTKVEIK (SEQ ID NO: 272)
경쇄 유전자좌	카파

[0608]

1994_01_A09

중쇄 FR1	QMQLVQSGAEVKKPGSSVKVSKAS (SEQ ID NO: 319)
중쇄 CDR1	GGTFSSYA (SEQ ID NO: 320)
중쇄 FR2	ISWVRQAPGQGLEWMGR (SEQ ID NO: 321)
중쇄 CDR2	IIPILGIA (SEQ ID NO: 322)
중쇄 FR3	NYAQKFQGRVTITADKSTSTAYMELSLRSEDVAVYYCAR (SEQ ID NO: 323)
중쇄 CDR3	DINRYNNWFRAFDI (SEQ ID NO: 324)
중쇄 FR4	WGQGTITVTVSS (SEQ ID NO: 214)
경쇄 FR1	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSS (SEQ ID NO: 435)
경쇄 CDR1	QSVLYSSNNKNY (SEQ ID NO: 325)
경쇄 FR2	LAWYQQKPRQPPKLLIY (SEQ ID NO: 326)
경쇄 CDR2	WAS (SEQ ID NO: 327)
경쇄 FR3	TRESGVPDRFSGNGSGTDFTLTISLQAEDVAAYYC (SEQ ID NO: 328)
경쇄 CDR3	QQHYSTPLT (SEQ ID NO: 329)
경쇄 FR4	FGPGTKVEIK (SEQ ID NO: 301)
경쇄 유전자좌	카파

[0609]

1994_01_D12

중쇄 FR1	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSKAS (SEQ ID NO: 330)
중쇄 CDR1	GYTFTSYG (SEQ ID NO: 439)
중쇄 FR2	ISWVRQAPGQGLEWMGW (SEQ ID NO: 264)
중쇄 CDR2	ISAYNGNT (SEQ ID NO: 265)
중쇄 FR3	NYAQKLQGRVTMTNTSTSTAYMELSLRSDDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 331)
중쇄 CDR3	VTGITGTTIDP (SEQ ID NO: 267)
중쇄 FR4	WGQGTITVTVSS (SEQ ID NO: 214)
경쇄 FR1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRAS (SEQ ID NO: 227)
경쇄 CDR1	QSISSY (SEQ ID NO: 216)
경쇄 FR2	LNWYRQKPGKAPKLLIY (SEQ ID NO: 332)
경쇄 CDR2	AAS (SEQ ID NO: 218)
경쇄 FR3	SLQSGVPSRFGSGSGTDFTLTISLQPEDAATYYC (SEQ ID NO: 333)
경쇄 CDR3	QQYDSQSGT (SEQ ID NO: 334)
경쇄 FR4	FGQGTKLEIK (SEQ ID NO: 242)
경쇄 유전자좌	카파

[0610]

1995_01_F05

중쇄 FR1	EVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 335)
중쇄 CDR1	GFTFSSYA (SEQ ID NO: 440)
중쇄 FR2	MHWVRQAPGKLEWVAV (SEQ ID NO: 286)
중쇄 CDR2	ISYDGVKK (SEQ ID NO: 336)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKSTLYLQMNSLRVDDTAVYYCAK (SEQ ID NO: 337)
중쇄 CDR3	DLGWQNDY (SEQ ID NO: 338)
중쇄 FR4	WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO: 214)
경쇄 FR1	QSVLTQPASVSGSPGQSITISCTGT DLGWQNDY (SEQ ID NO: 339)
경쇄 CDR1	SSDVGGHNY (SEQ ID NO: 340)
경쇄 FR2	VSWYQQHPGKAPKLMY (SEQ ID NO: 341)
경쇄 CDR2	DVS (SEQ ID NO: 342)
경쇄 FR3	NRPSGVSNRFSKSGKSGNTASLTISGLQAEDEADYYC (SEQ ID NO: 343)
경쇄 CDR3	SSYTSSTSPWV (SEQ ID NO: 344)
경쇄 FR4	FGGGTKLTVLG (SEQ ID NO: 345)
경쇄 유전자좌	람다

[0611]

1995_01_F09

중쇄 FR1	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 346)
중쇄 CDR1	GFTFSSYA (SEQ ID NO: 440)
중쇄 FR2	MSWVRQAPGKLEWVSA (SEQ ID NO: 274)
중쇄 CDR2	ISGSGGST (SEQ ID NO: 275)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKSNALYLMNSLRAEDTAVYYCRG (SEQ ID NO: 347)
중쇄 CDR3	YCSSTSCYGRGAFDI (SEQ ID NO: 348)
중쇄 FR4	SGQGTLLTVSS (SEQ ID NO: 349)
경쇄 FR1	QAVLTQPPSASGTPGQRTVITSCSGR (SEQ ID NO: 350)
경쇄 CDR1	NSNIGSNN (SEQ ID NO: 351)
경쇄 FR2	VNWKYHLPGTAPKLLIY (SEQ ID NO: 352)
경쇄 CDR2	SNN (SEQ ID NO: 353)
경쇄 FR3	QRPSGVPDRFSASKSGTSASLAISGLQSEDEADYYC (SEQ ID NO: 354)
경쇄 CDR3	AAWDDRMNGPV (SEQ ID NO: 355)
경쇄 FR4	IGGGTKVTVLG (SEQ ID NO: 356)
경쇄 유전자좌	람다

[0612]

1996_01_H07

중쇄 FR1	QVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 243)
중쇄 CDR1	GFTFSSYW (SEQ ID NO: 437)
중쇄 FR2	MHWVRQAPAKGLVWVSR (SEQ ID NO: 357)
중쇄 CDR2	INSDGSST (SEQ ID NO: 358)
중쇄 FR3	SYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 359)
중쇄 CDR3	DFWSGRPYYMYMDV (SEQ ID NO: 360)
중쇄 FR4	WGQGTITVTVSS (SEQ ID NO: 297)
경쇄 FR1	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRAS (SEQ ID NO: 227)
경쇄 CDR1	QDIGDD (SEQ ID NO: 361)
경쇄 FR2	LAWFQQKPGKAPKRLIY (SEQ ID NO: 362)
경쇄 CDR2	AAS (SEQ ID NO: 218)
경쇄 FR3	TLQGGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYC (SEQ ID NO: 363)
경쇄 CDR3	QQSYSTPRT (SEQ ID NO: 364)
경쇄 FR4	FGPGTKVEIK (SEQ ID NO: 301)
경쇄 유전자좌	카파

[0613]

1997_02_B01

중쇄 FR1	EVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 335)
중쇄 CDR1	GFTFSSYA (SEQ ID NO: 440)
중쇄 FR2	MHWVRQAPGKLEWVAV (SEQ ID NO: 286)
중쇄 CDR2	ISYDGSNK (SEQ ID NO: 287)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSRAEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 365)
중쇄 CDR3	WGIVAARPNYYYGMDV (SEQ ID NO: 366)
중쇄 FR4	WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO: 214)
경쇄 FR1	QSALTQPRSVSGSPGQSVTISCTGT (SEQ ID NO: 367)
경쇄 CDR1	SSDVGGYNY (SEQ ID NO: 368)
경쇄 FR2	VSWYQQHPGKAPKLLIY (SEQ ID NO: 341)
경쇄 CDR2	DVS (SEQ ID NO: 342)
경쇄 FR3	KRPSPGVDRFSGSKSGNTASLTISGLQAEDEADYHC (SEQ ID NO: 443)
경쇄 CDR3	SSYANNPWV (SEQ ID NO: 369)
경쇄 FR4	FGGGTKVTVLG (SEQ ID NO: 370)
경쇄 유전자좌	람다

[0614]

2002_02_E01

중쇄 FR1	QVQLVQSGAEVVRKPGASVKVSCAS (SEQ ID NO: 371)
중쇄 CDR1	GYFTSYG (SEQ ID NO: 439)
중쇄 FR2	ISWVRQAPGQGLEWMGW (SEQ ID NO: 264)
중쇄 CDR2	ISAYNGNT (SEQ ID NO: 265)
중쇄 FR3	NYAQLQGRVTMTTDTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 372)
중쇄 CDR3	VTGITGTTIDP (SEQ ID NO: 267)
중쇄 FR4	WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO: 214)
경쇄 FR1	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCQAS (SEQ ID NO: 373)
경쇄 CDR1	QDISNY (SEQ ID NO: 374)
경쇄 FR2	LNWYQQKPGKAPKLLIY (SEQ ID NO: 217)
경쇄 CDR2	DAS (SEQ ID NO: 269)
경쇄 FR3	NLETGVPSRFSGSGSGTDFTFTISLQPEDATYYC (SEQ ID NO: 375)
경쇄 CDR3	QQYANLPLT (SEQ ID NO: 376)
경쇄 FR4	FGGGTKVEIK (SEQ ID NO: 221)
경쇄 유전자좌	카파

[0615]

2002_02_G11

중쇄 FR1	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 346)
중쇄 CDR1	GFTVSSNY (SEQ ID NO: 377)
중쇄 FR2	MSWVRQAPGKLEWVSV (SEQ ID NO: 378)
중쇄 CDR2	IYSGGST (SEQ ID NO: 379)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 276)
중쇄 CDR3	GGLTGDDAFDI (SEQ ID NO: 380)
중쇄 FR4	WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO: 214)
경쇄 FR1	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRAS (SEQ ID NO: 227)
경쇄 CDR1	QSISSF (SEQ ID NO: 381)
경쇄 FR2	LNWYQQKPGTAPKLLIY (SEQ ID NO: 382)
경쇄 CDR2	TTS (SEQ ID NO: 383)
경쇄 FR3	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYC (SEQ ID NO: 219)
경쇄 CDR3	QQGNSLPLT (SEQ ID NO: 384)
경쇄 FR4	FGGGTKVEIK (SEQ ID NO: 221)
경쇄 유전자좌	카파

[0616]

2003_03_A09

중쇄 FR1	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 208)
중쇄 CDR1	GFTFSSYA (SEQ ID NO: 440)
중쇄 FR2	MHWVRQAPGKLEWVAV (SEQ ID NO: 286)
중쇄 CDR2	ISYDGSNK (SEQ ID NO: 287)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 276)
중쇄 CDR3	DKELSY (SEQ ID NO: 385)
중쇄 FR4	WGQGTITVTVSS (SEQ ID NO: 214)
경쇄 FR1	QSGLTQPASVSGSPGQSITISCTGT (SEQ ID NO: 386)
경쇄 CDR1	SSDVGGYNY (SEQ ID NO: 368)
경쇄 FR2	VSWYQQHPGKAPKLLIY (SEQ ID NO: 341)
경쇄 CDR2	EVS (SEQ ID NO: 387)
경쇄 FR3	NRPSGVPRDFSGSKSGNTASLTISGLQAEDADYYC (SEQ ID NO: 388)
경쇄 CDR3	SSYTSSSPWV (SEQ ID NO: 344)
경쇄 FR4	FGGGTKLTVLG (SEQ ID NO: 345)
경쇄 유전자좌	랍다

[0617]

2004_04_D03

중쇄 FR1	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 208)
중쇄 CDR1	GFTFSSNYG (SEQ ID NO: 209)
중쇄 FR2	MNHWVRQAPGKLEWVSY (SEQ ID NO: 210)
중쇄 CDR2	ISSSSSTI (SEQ ID NO: 233)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRDEDTAVYYCAS (SEQ ID NO: 212)
중쇄 CDR3	GQLDTSDAFDI (SEQ ID NO: 213)
중쇄 FR4	WGQGTITVTVSS (SEQ ID NO: 297)
경쇄 FR1	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRAS (SEQ ID NO: 227)
경쇄 CDR1	QSISSY (SEQ ID NO: 216)
경쇄 FR2	LNWYQQKPGKAPKLLIY (SEQ ID NO: 217)
경쇄 CDR2	KTS (SEQ ID NO: 389)
경쇄 FR3	NLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYC (SEQ ID NO: 390)
경쇄 CDR3	QQSYSTPLT (SEQ ID NO: 220)
경쇄 FR4	FGGGTKVEIK (SEQ ID NO: 221)
경쇄 유전자좌	카파

[0618]

2004_04_F01

중쇄 FR1	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAAS (SEQ ID NO: 346)
중쇄 CDR1	GFTFSSYA (SEQ ID NO: 440)
중쇄 FR2	MSWVRQAPAKGLEWVSA (SEQ ID NO: 391)
중쇄 CDR2	ISGSGGST (SEQ ID NO: 275)
중쇄 FR3	YYADSVKGRFTISRDNKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAK (SEQ ID NO: 295)
중쇄 CDR3	DRPYSYGKNAFDI (SEQ ID NO: 392)
중쇄 FR4	WGQGTITVTVSS (SEQ ID NO: 297)
경쇄 FR1	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCQAS (SEQ ID NO: 373)
경쇄 CDR1	QDVSNY (SEQ ID NO: 393)
경쇄 FR2	LNWYRQKPGKAPKLLIY (SEQ ID NO: 332)
경쇄 CDR2	AAS (SEQ ID NO: 218)
경쇄 FR3	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYC (SEQ ID NO: 219)
경쇄 CDR3	QQSYSTPLT (SEQ ID NO: 220)
경쇄 FR4	FGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 394)
경쇄 유전자좌	카파

[0619]

2005_05_E05

중쇄 FR1	EVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS (SEQ ID NO: 395)
중쇄 CDR1	GYTFTSY (SEQ ID NO: 396)
중쇄 FR2	MHWVRQAPGQGLEWMGI (SEQ ID NO: 303)
중쇄 CDR2	INPSGGST (SEQ ID NO: 304)
중쇄 FR3	SYAQKFQGRVTMTTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 397)
중쇄 CDR3	SPWLITFGGVAMGY (SEQ ID NO: 402)
중쇄 FR4	WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO: 214)
경쇄 FR1	QSVLTQPPSASGTPGQRTISCSGS (SEQ ID NO: 403)
경쇄 CDR1	SSNIGSNY (SEQ ID NO: 308)
경쇄 FR2	VYVYQQLPGTAPKLLIY (SEQ ID NO: 309)
경쇄 CDR2	RNN (SEQ ID NO: 310)
경쇄 FR3	QRPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLRSEADYYC (SEQ ID NO: 404)
경쇄 CDR3	AAWDDSLSGV (SEQ ID NO: 405)
경쇄 FR4	FGGGTQLTVLG (SEQ ID NO: 406)
경쇄 유전자좌	랍다

[0620]

1994_01_D04

중쇄 FR1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKAS (SEQ ID NO: 371)
중쇄 CDR1	GYTFTSYG (SEQ ID NO: 439)
중쇄 FR2	ISWVRQAPGQGLEWMGW (SEQ ID NO: 264)
중쇄 CDR2	ISAYNGNT (SEQ ID NO: 265)
중쇄 FR3	NYAQLQGRVTMTTDTSTSTAYMELSSLRSDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 372)
중쇄 CDR3	VTGITGTTIDP (SEQ ID NO: 267)
중쇄 FR4	WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO: 214)
경쇄 FR1	DIVMTQSPSSLSASVGRVTITCRAS (SEQ ID NO: 407)
경쇄 CDR1	QSISSY (SEQ ID NO: 216)
경쇄 FR2	LNWYQKPGKAPKLLIY (SEQ ID NO: 217)
경쇄 CDR2	DAS (SEQ ID NO: 269)
경쇄 FR3	NLETGVPSPRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYC (SEQ ID NO: 317)
경쇄 CDR3	QQFNYYPLT (SEQ ID NO: 408)
경쇄 FR4	FGGGTKLEIK (SEQ ID NO: 394)
경쇄 유전자좌	카파

[0621]

1997_02_B03

중쇄 FR1	QVQLVESGAIEVKKPGASVKVSCKAS (SEQ ID NO: 409)
중쇄 CDR1	GYTFTSY (SEQ ID NO: 396)
중쇄 FR2	MHWVRQAPGQGLEWMGI (SEQ ID NO: 303)
중쇄 CDR2	INPSGGST (SEQ ID NO: 304)
중쇄 FR3	SYAQKFQGRVTMTTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAR (SEQ ID NO: 397)
중쇄 CDR3	AGGYYYIMDV (SEQ ID NO: 398)
중쇄 FR4	WGQGTLLTVSS (SEQ ID NO: 214)
경쇄 FR1	QSGLTQPPSASGTPGQRTISCSGS (SEQ ID NO: 399)
경쇄 CDR1	GPNIIGNY (SEQ ID NO: 400)
경쇄 FR2	VYVYQQLPGTAPKLLMY (SEQ ID NO: 401)
경쇄 CDR2	RNN (SEQ ID NO: 310)
경쇄 FR3	QRPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLQSEADYYC (SEQ ID NO: 410)
경쇄 CDR3	AAWDDSLNGYV (SEQ ID NO: 411)
경쇄 FR4	FGTGTQLTVLG (SEQ ID NO: 412)
경쇄 유전자좌	랍다

[0622]

[0623]

인간화 mAb 서열

[0624]

인간화된 79E3E3 중쇄 가변 영역

[0625]

QIQLVQSGAEVKKPGESLKISCKASGYFTDYAIGWVRQMPGKGLEWMGIINTQTGKPKYSPSFQQQFIFSLDTSINTTYLQWSSLKASDTAIYFCTRLGTGNTKGFAYWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO: 413)

[0626]

인간화된 79E3E3 경쇄 가변 영역

[0627]

DIQITQSPSSLSASLGDKVTITCRSSQSLLYSENNDYLAWYQQKPGKAPKLLIYGASNLQSGVPSRFSGRGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCEQTYRYPFTFGPGTKVDIKR (SEQ ID NO: 414)

[0628]

인간화된 9-G05 중쇄 VH₁

- [0629] 리더 서열-VH-hIgG1CH-정지 코돈*
- [0630] *MGWSCIILFLVATATGVHS*QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFPDYNDWVRQAPGQRLEWMGYINPDNGGTIYNQKFKGRVTLTVDTASASTAYMEL
SSLRSEDТАVYYCARLDSSGYGYAMDYWGQGTSTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLY
SLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGV
EVHNAKTKPREEQYASTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESN
GQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVSCSMHEALHNHYTQKSLSLSPGK* (SEQ ID NO: 415)
- [0631] 인간화된 9-G05 중쇄 VH_2
- [0632] 리더 서열-VH-hIgG1CH-정지 코돈*
- [0633] *MGWSCIILFLVATATGVHS*QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFPDYNDWVRQAPGQRLEWIGYINPDNGGTIYNQKFKGRVTLTVDTASASTAYMEL
SSLRSEDТАVYYCARLDSSGYGYAMDYWGQGTSTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLY
SLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGV
EVHNAKTKPREEQYASTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESN
GQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVSCSMHEALHNHYTQKSLSLSPGK* (SEQ ID NO: 416)
- [0634] 인간화된 9-G05 중쇄 VH_3
- [0635] 리더 서열-VH-hIgG1CH-정지 코돈*
- [0636] *MGWSCIILFLVATATGVHS*QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFPDYNDWVRQAPGQRLEWMGYINPDNGGTIYNQKFKGRATLTVDTSASTAYMEL
SSLRSEDТАVYYCARLDSSGYGYAMDYWGQGTSTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLY
SLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGV
EVHNAKTKPREEQYASTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESN
GQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVSCSMHEALHNHYTQKSLSLSPGK* (SEQ ID NO: 417)
- [0637] 인간화된 9-G05 중쇄 VH_4
- [0638] 리더 서열-VH-hIgG1CH-정지 코돈*
- [0639] *MGWSCIILFLVATATGVHS*QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFPDYNDWVRQAPGQSLEWIGYINPDNGGTIYNQKFKGRATLTVDTSASTAYMEL
SSLRSEDТАVYYCARLDSSGYGYAMDYWGQGTSTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLY
SLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGV
EVHNAKTKPREEQYASTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESN
GQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVSCSMHEALHNHYTQKSLSLSPGK* (SEQ ID NO: 418)
- [0640] 인간화된 9-G05 경쇄 VL_1
- [0641] 리더 서열-VL-hIgKCL-정지 코돈*
- [0642] *MGWSCIILFLVATATGVHS*DIIVMTQSPDSLAVSLGERATINCRASESDNYGISFMHWYQQKPGQPPKLLIYRASNLDSGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQ
AEDVATYYCQQSYKDPRTFGGGTKLEIKRTVAAPSVEIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSSTYLSSTLT
SKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC* (SEQ ID NO: 419)
- [0643] 인간화된 9-G05 경쇄 VL_2
- [0644] 리더 서열-VL-hIgKCL-정지 코돈*
- [0645] *MGWSCIILFLVATATGVHS*DIIVLTQSPASLAVSPGQRATITCRASESDNYGISFMHWYQQKPGQPPKLLIYRASNLDSVVPARFSGSGSRTDFTLTINPVE
ANDTATYYCQQSYKDPRTFGGGTKLEIKRTVAAPSVEIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSSTYLSSTLT
SKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC* (SEQ ID NO: 420)
- [0646] 16E10 중쇄 가변 영역
- [0647] QSLSESGDLVKPGASLTLCRVSGFSFSSSYMCWVRQAPGKGLEWIAICIGTTRGSTYYATWAKGRFTISKISSTTVTLQMTSLTDADTATYFCARDATGY
RINTIGLYFNLWGPGLTVTVSS (SEQ ID NO: 421)
- [0648] 인간화된 16E10 중쇄 가변 영역 VH_1
- [0649] QSLSESGGLVKPGSLRLSCAVSGFSFSSSYMCWVRQAPGKGLEWVSCIGTTRGSTYYADSAKGRFTISKISKNTVYLQMTSLRAEDTAVYFCARDATGY

RINTIGLYFNLWGPGTLTVSS (SEQ ID NO: 422)

[0650] 인간화된 16E10 중쇄 가변 영역 VH_2

[0651] EVQLLESGGGLVKPGGSLRLSCAVSGFSFSSSYMCWVRQAPGKGLEWVSCIGTTRGSTYYADSAKGRFTISKDNSKNTVYLQMTSLRAEDTAVYFCARDATGYRINTIGLYFNLWGQGTTLTVSS (SEQ ID NO: 423)

[0652] 인간화된 16E10 중쇄 가변 영역 VH_3

[0653] QSLLESGGGLVKPGGSLRLSCAVSGFSFSSSYMCWVRQAPGKGLEWVSCIGTTRGSTYYADSAKGRFTISKESKNTVYLQMSSLRAEDTAVYFCARDATGYRINTIGLYFNLWGPGTLTVSS (SEQ ID NO: 424)

[0654] 인간화된 16E10 중쇄 가변 영역 VH_4

[0655] EVQLLESGGGLVKPGGSLRLSCAVSGFSFSSSYMCWVRQAPGKGLEWVSCIGTTRGSTYYADSAKGRFTISKDNSKNTVYLQMSSLRAEDTAVYFCARDATGYRINTIGLYFNLWGQGTTLTVSS (SEQ ID NO: 425)

[0656] 인간화된 16E10 중쇄 가변 영역 VH_5

[0657] QSLLESGGGLVKPGGSLRLSCAVSGFSFSSSYMCWVRQAPGKGLEWVSCIGTTRGSTYYADSAKGRFTISKESKNTVYLQMSSLRAEDTAVYFCARDATGYRIQTIGLYFNLWGPGTLTVSS (SEQ ID NO: 426)

[0658] 인간화된 16E10 중쇄 가변 영역 VH_6

[0659] EVQLLESGGGLVKPGGSLRLSCAVSGFSFSSSYMCWVRQAPGKGLEWVSCIGTTRGSTYYADSAKGRFTISKDNSKNTVYLQMSSLRAEDTAVYFCARDATGYRIQTIGLYFNLWGQGTTLTVSS (SEQ ID NO: 427)

[0660] 16E10 경쇄 가변 영역

[0661] ELTQTPSSVEAAVGGTPTIKCQASQTIYSYLSWYQQKPGKPPKLLIYEASKLASGVPSRFSGSGSGTDYTLTISDLECAADATYYCQSYHGTASTEYNTFGG GTEVVVK (SEQ ID NO: 428)

[0662] 인간화된 16E10 경쇄 가변 영역 VL_1

[0663] QLTQSPSSLSASVGDRVITTCQASQTIYSYLSWYQQKPGKPPKLLIYEASKLASGVPSRFSGSGSGTDYTLTISSLQPEDFATYYCQSYHGTASTEYNTFGG GTKVEIK (SEQ ID NO: 429)

[0664] 인간화된 16E10 경쇄 가변 영역 VL_2

[0665] DIQLTQSPSSLSASVGDRVITTCQASQTIYSYLSWYQQKPGKPPKLLIYEASKLASGVPSRFSGSGSGTDYTLTISSLQPEDFATYYCQSYHGTASTEYNTF GGGTKVEIK (SEQ ID NO: 430)

[0666] 인간화된 16E10 경쇄 가변 영역 VL_3

[0667] QLTQSPSSLSASVGDRVITTCQASQTIYSYLSWYQQKPGKPPKLLIYEASKLASGVPSRFSGSGSGTDYTLTISSLQPEDTATYYCQSYHGTASTEYNTFGG GTKVEIK (SEQ ID NO: 431)

[0668] 인간화된 16E10 경쇄 가변 영역 VL_4

[0669] DIQLTQSPSSLSASVGDRVITTCQASQTIYSYLSWYQQKPGKPPKLLIYEASKLASGVPSRFSGSGSGTDYTLTISSLQPEDTATYYCQSYHGTASTEYNTF GGGTKVEIK (SEQ ID NO: 432)

[0670] 인간화된 16E10 경쇄 가변 영역 VL_5

[0671] QLTQSPSSLSASVGDRVITTCQASQTIYSYLSWYQQKPGKPPKLLIYEASKLASGVPSRFSGSGSGTDYTLTISSLQPEDTATYYCQSYHGTASTEYQTFGG GTKVEIK (SEQ ID NO: 433)

[0672] 인간화된 16E10 경쇄 가변 영역 VL_6

[0673] DIQLTQSPSSLSASVGDRVITTCQASQTIYSYLSWYQQKPGKPPKLLIYEASKLASGVPSRFSGSGSGTDYTLTISSLQPEDTATYYCQSYHGTASTEYQTF GGGTKVEIK (SEQ ID NO: 434)

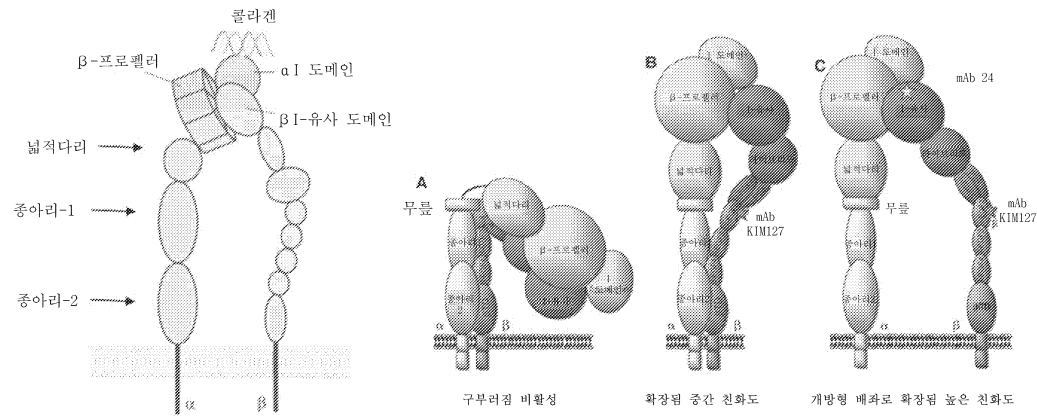
[0674] 균등물

[0675] 본 발명이 이의 상세한 설명과 함께 기재되었지만, 전술한 설명은 예시하고자 하는 것이고, 첨부된 청구범위의 범주에 의해 규정되는 본 발명의 범주를 제한하고자 하는 것이 아님이 이해되어야 한다. 다른 양태, 이점, 및

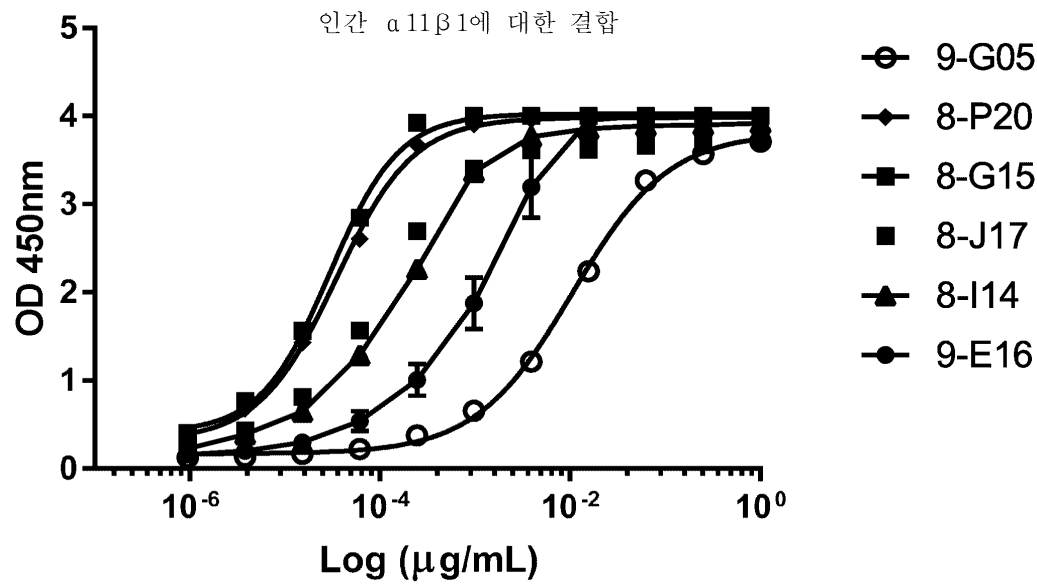
변형이 하기 청구범위의 범주 내에 있다.

도면

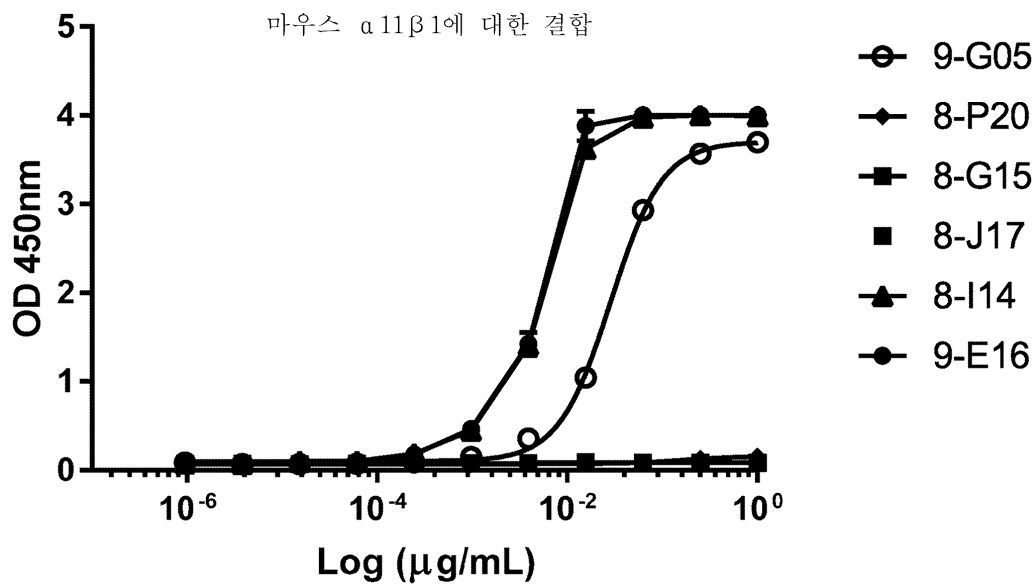
도면1



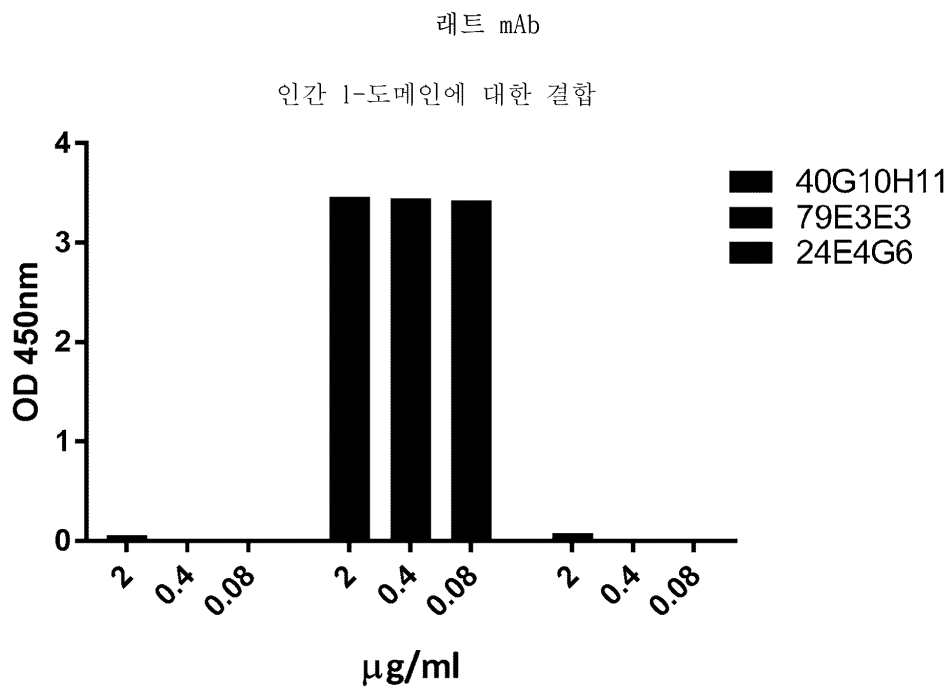
도면2a



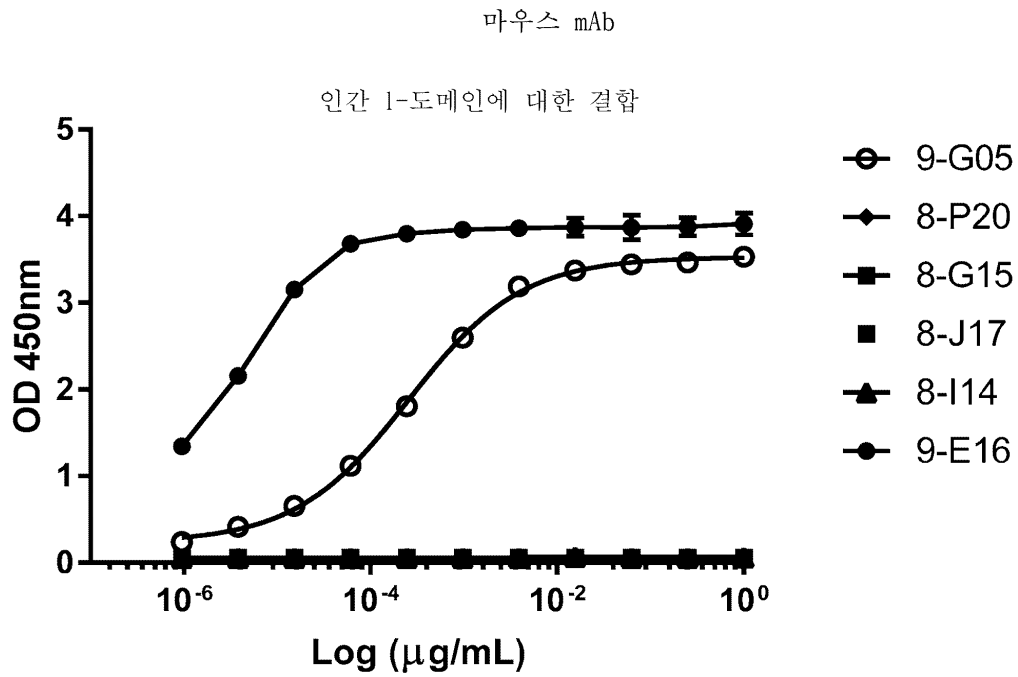
도면2b



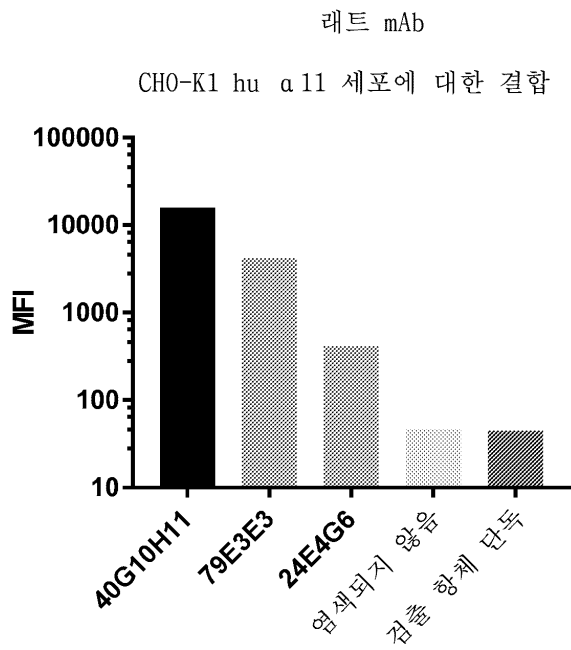
도면3a



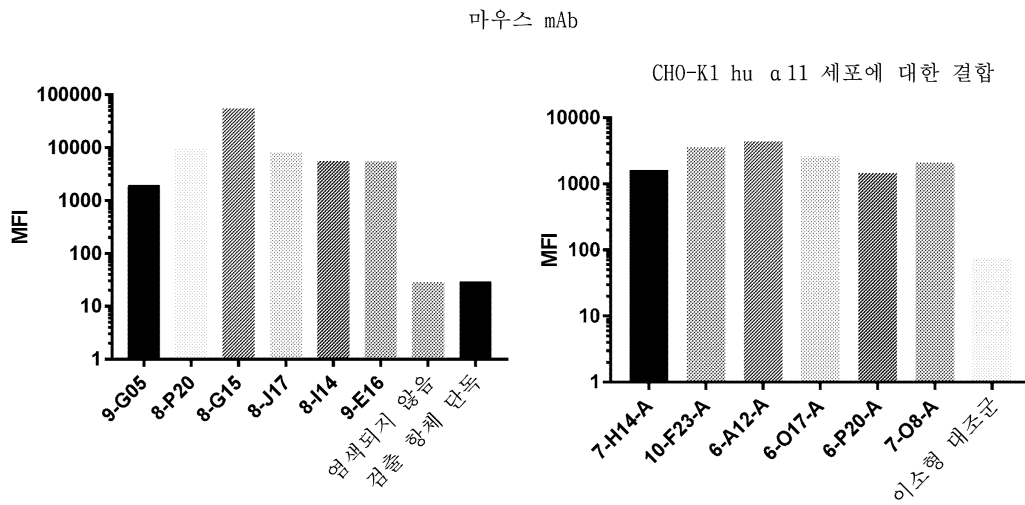
도면3b



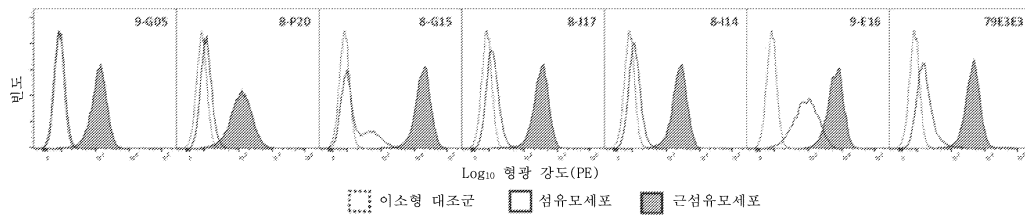
도면4a



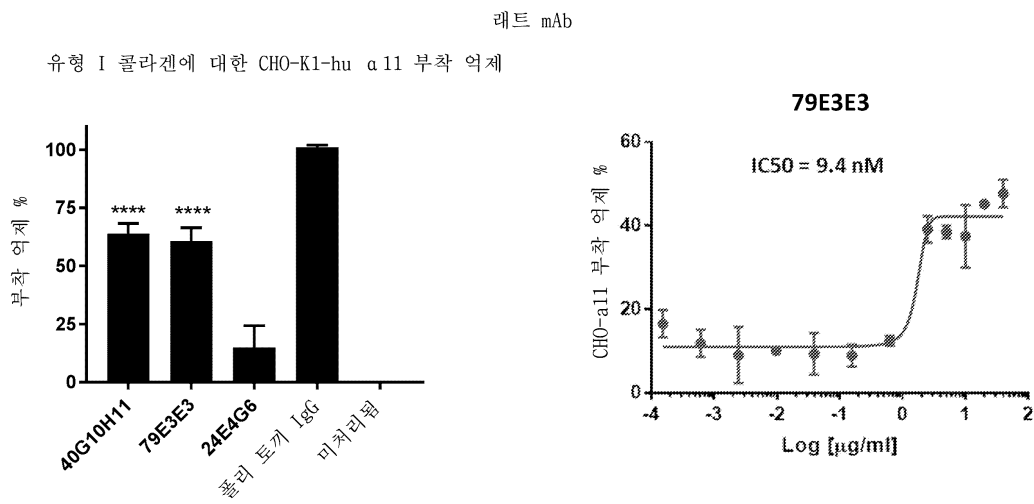
도면4b



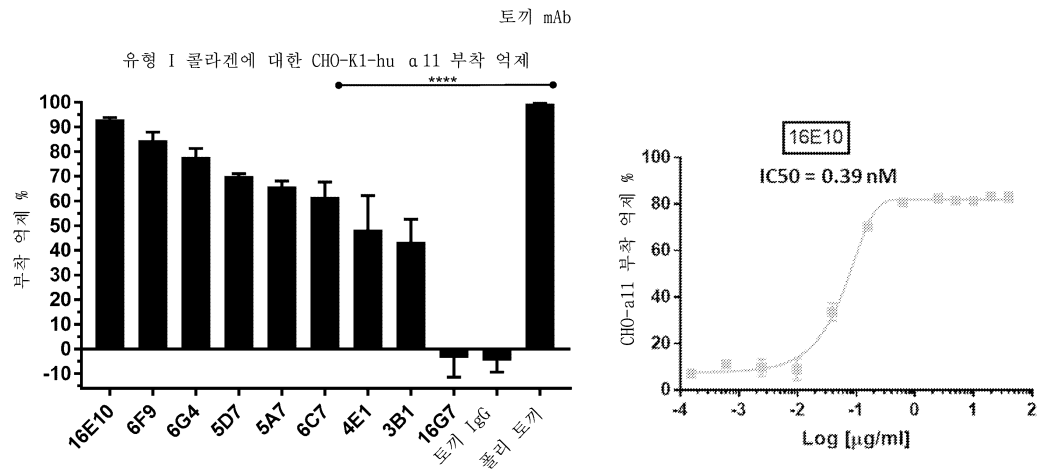
도면5



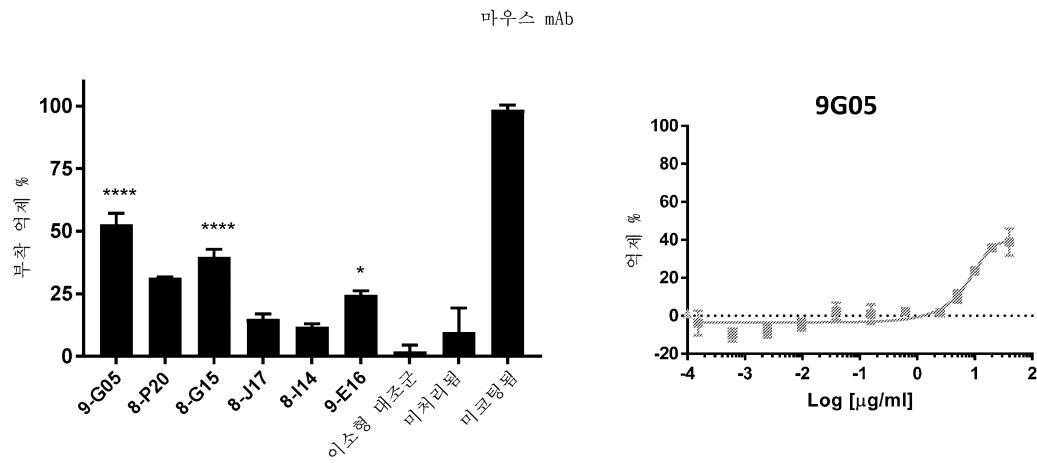
도면6a



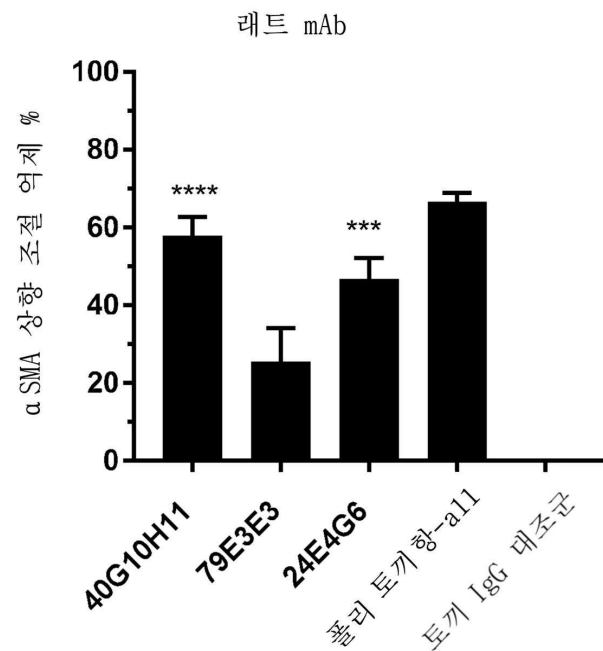
도면6b



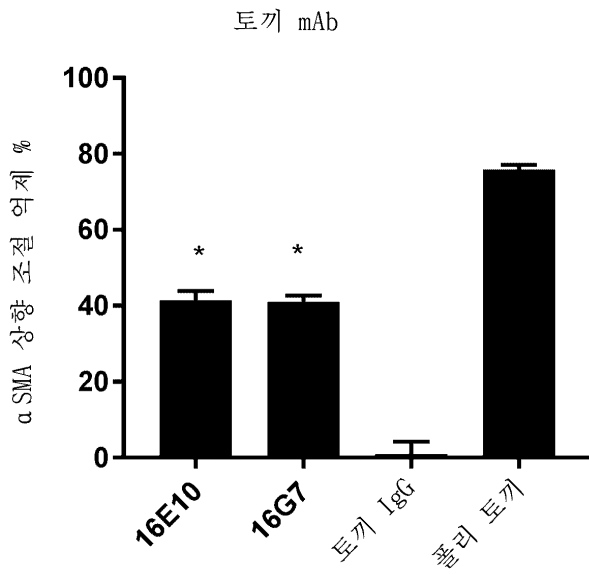
도면6c



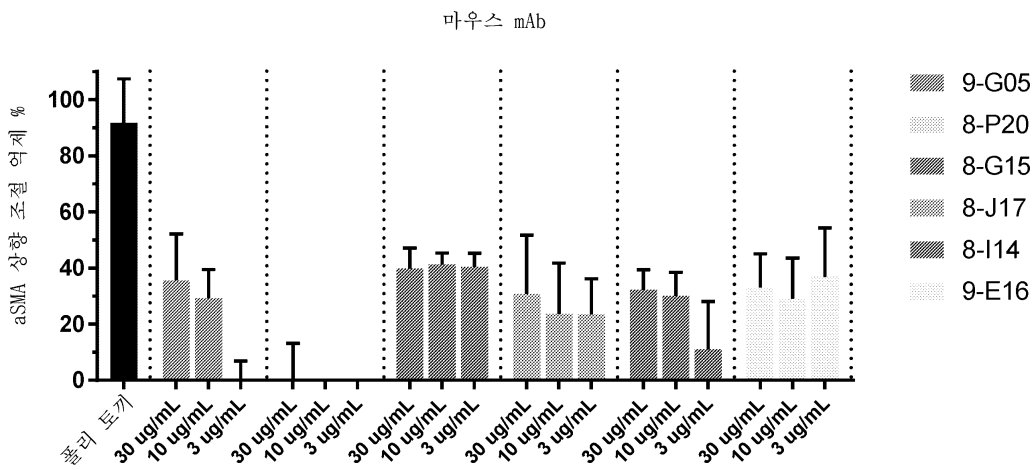
도면7a



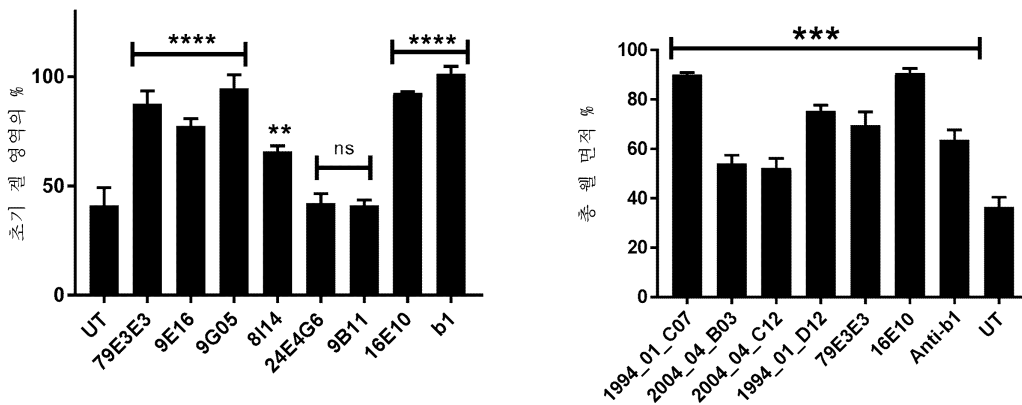
도면7b



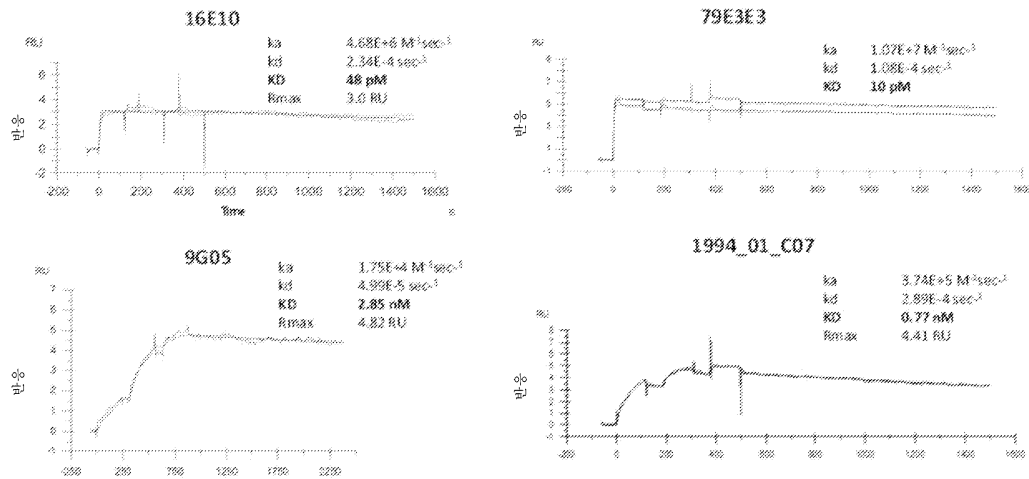
도면7c



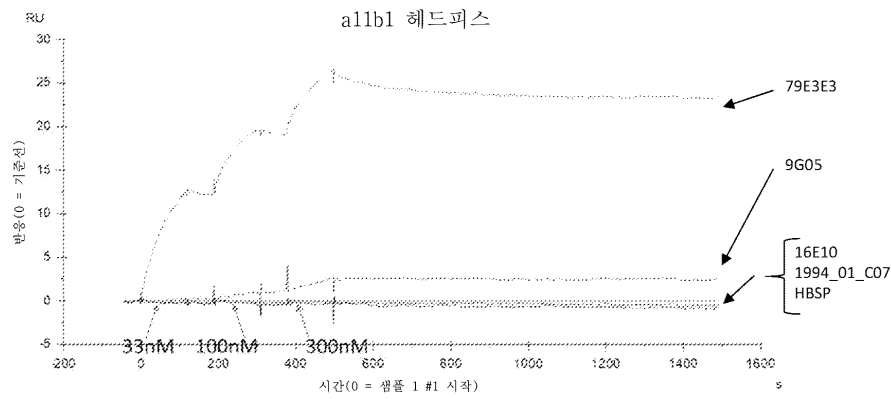
도면8



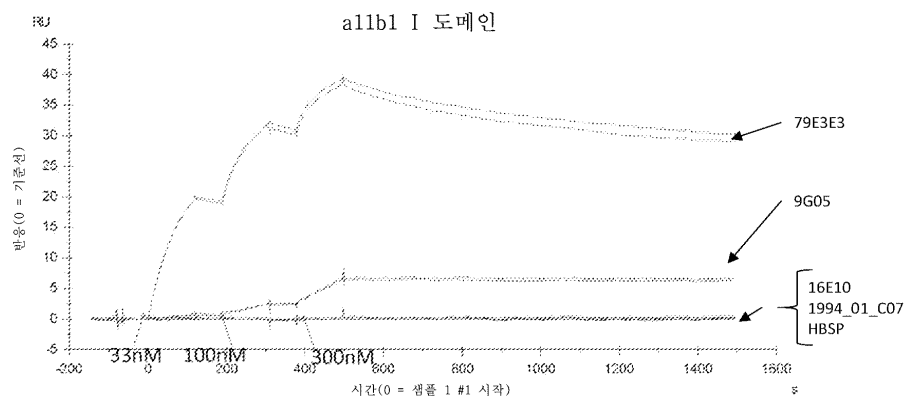
도면9



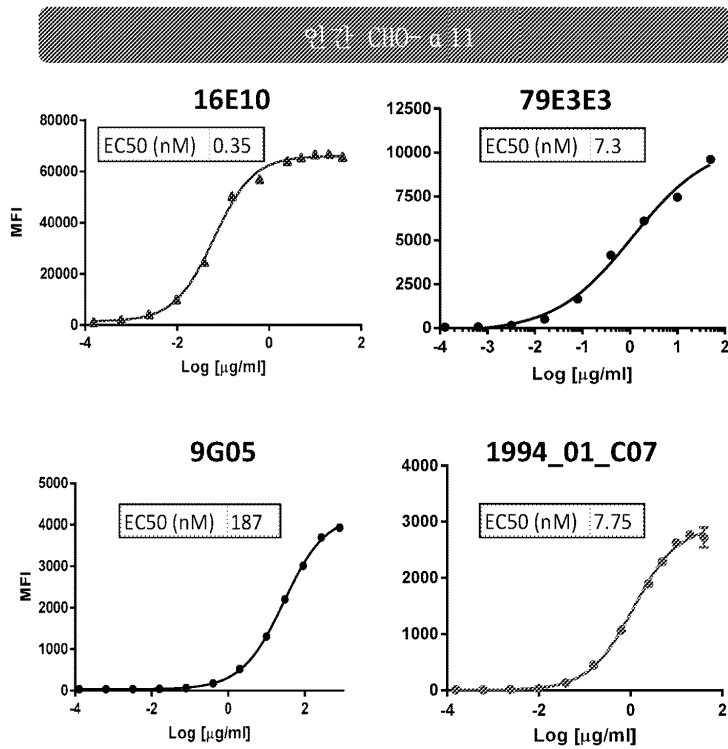
도면10a



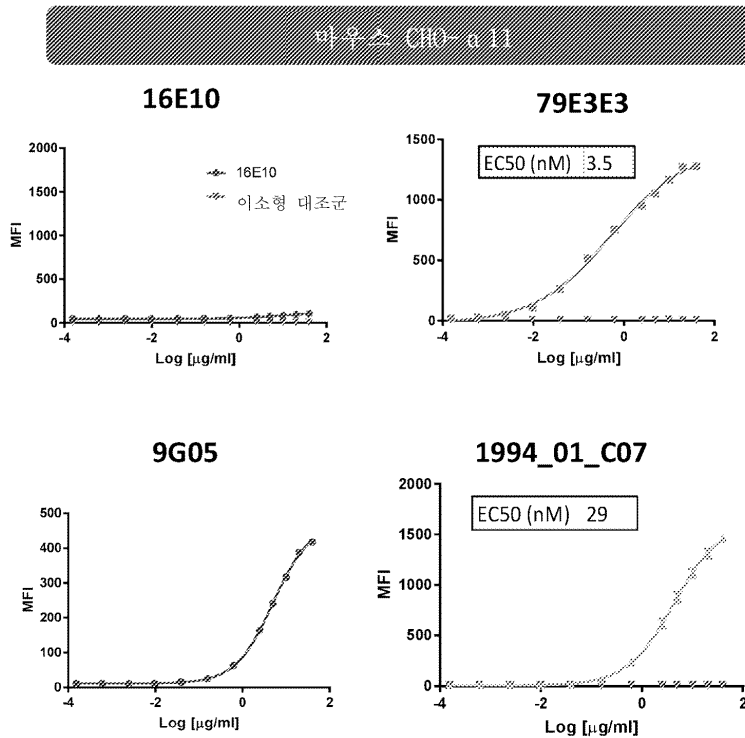
도면10b



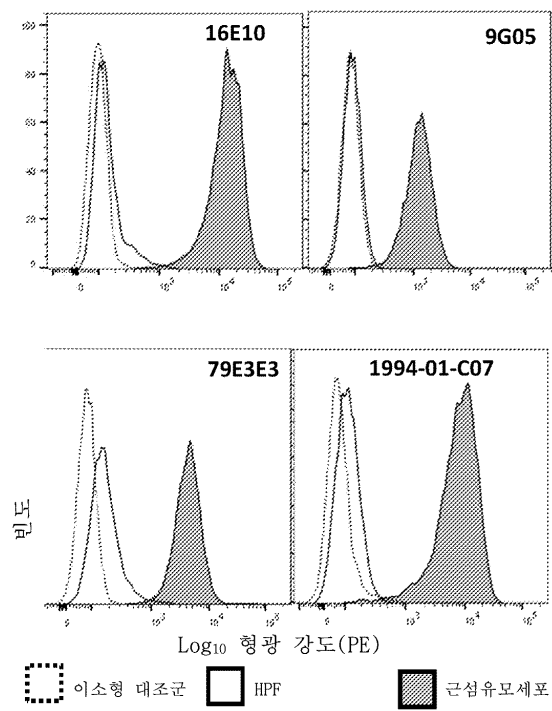
도면11a



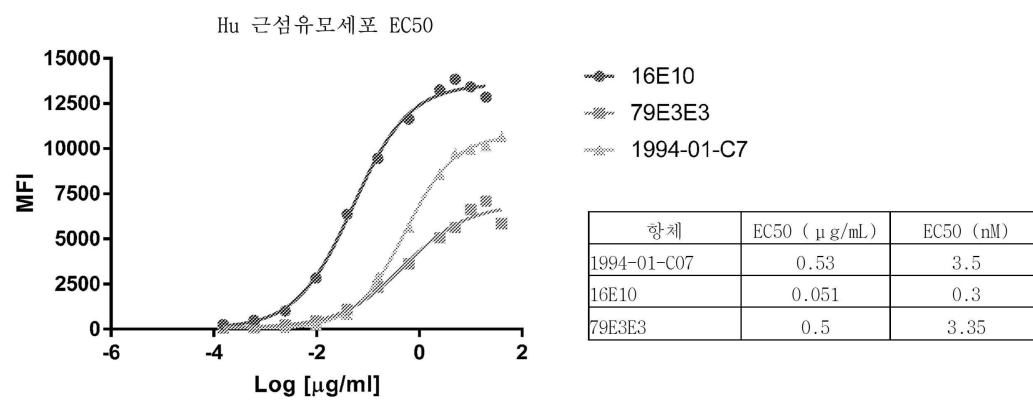
도면11b



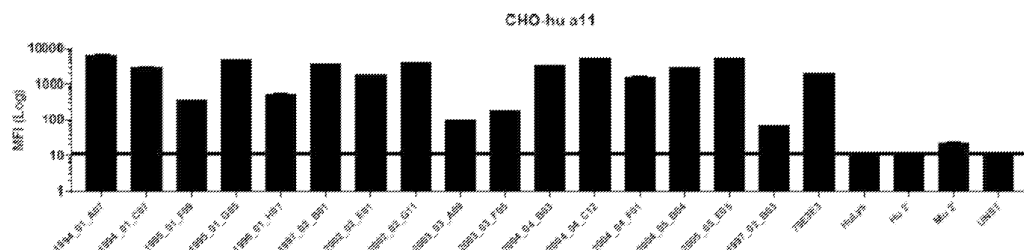
도면12



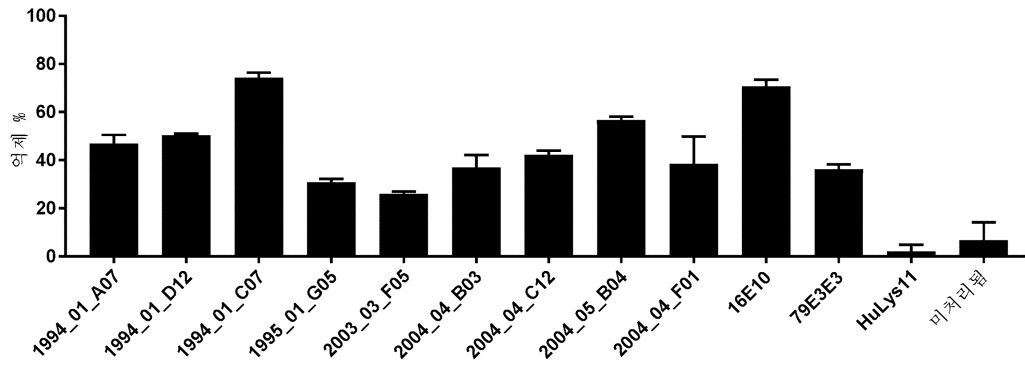
도면13



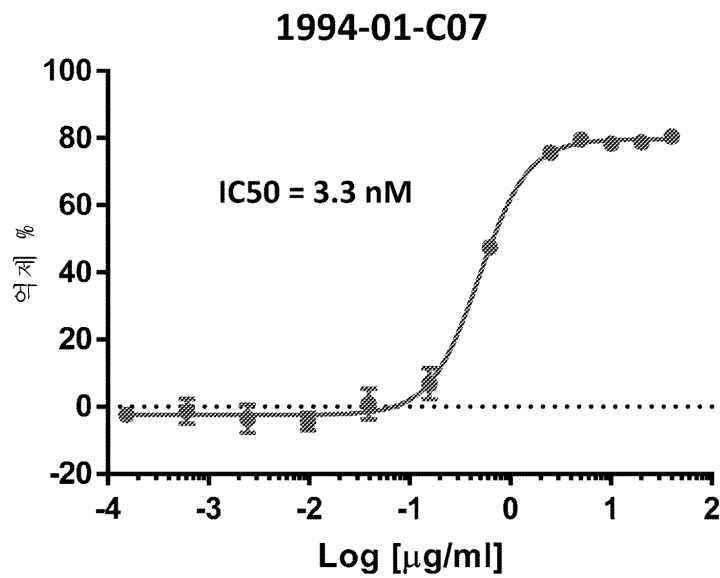
도면14



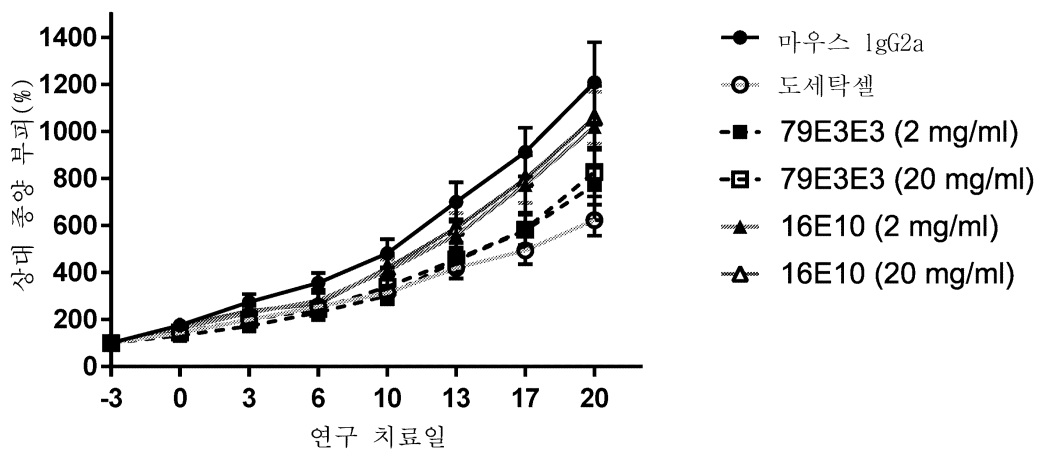
도면15a



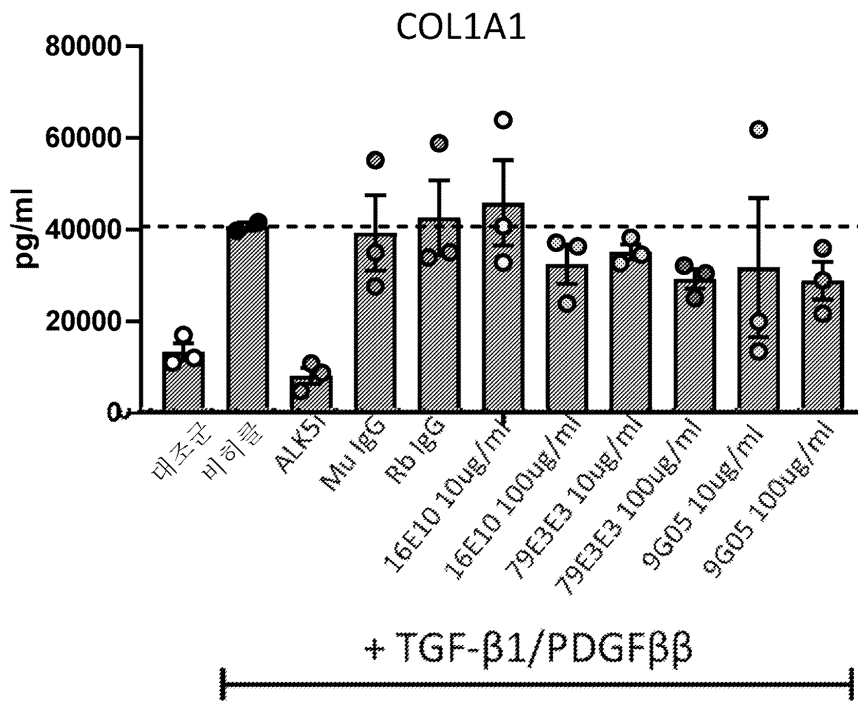
도면15b



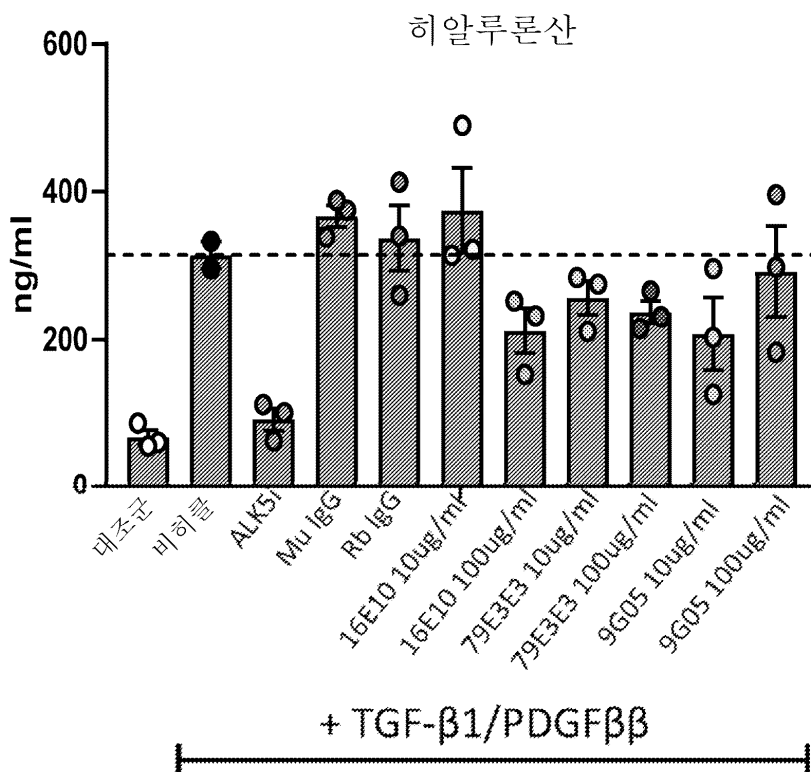
도면16



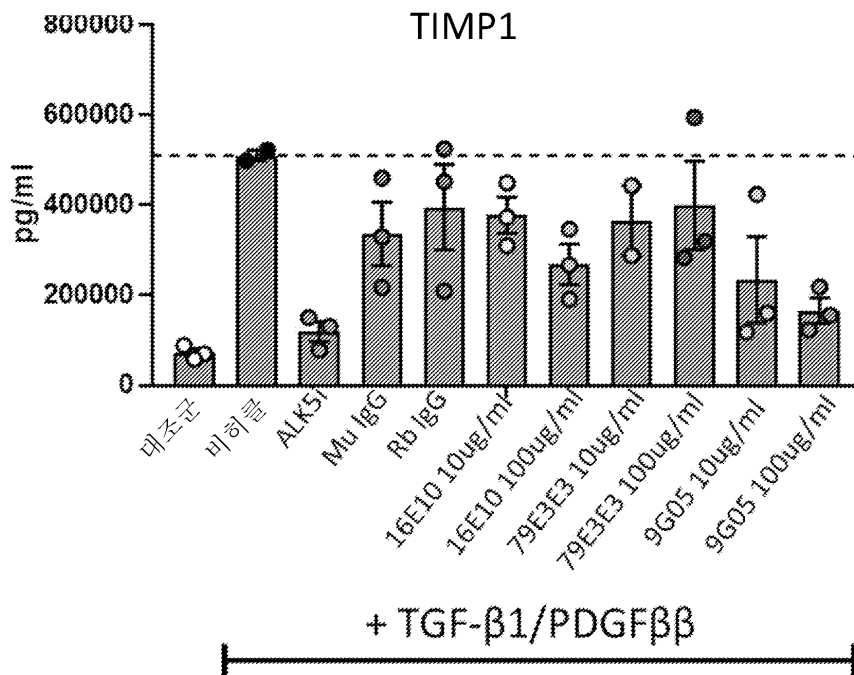
도면17a



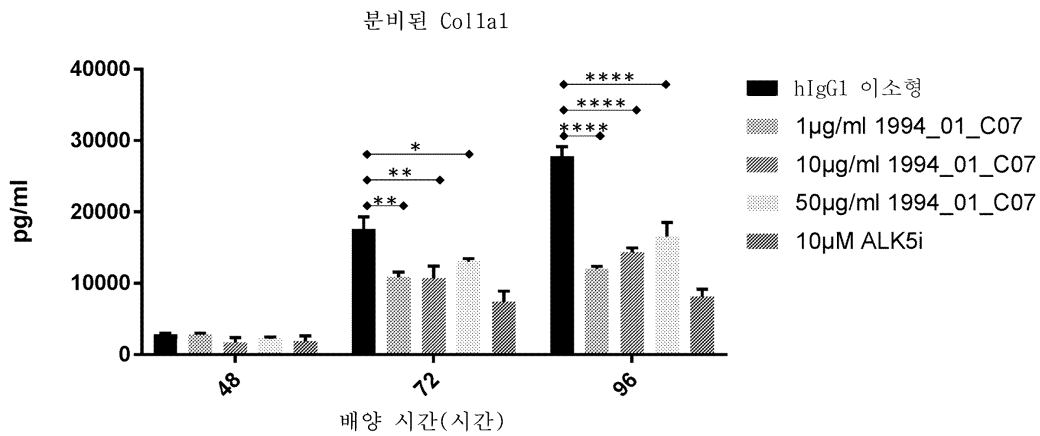
도면17b



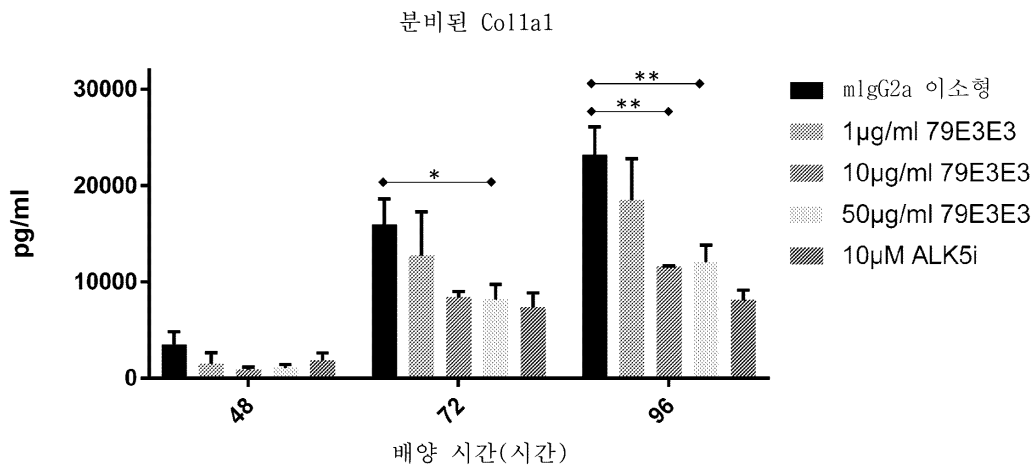
도면17c



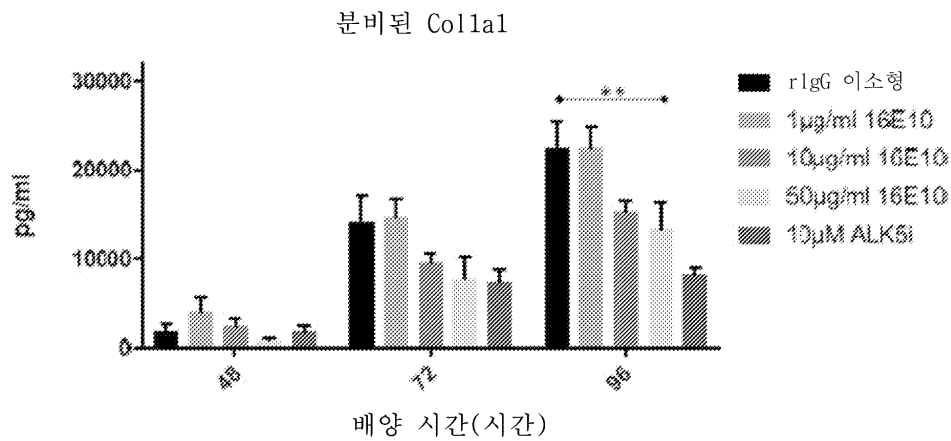
도면18a



도면18b



도면18c



서열 목록

SEQUENCE LISTING

<110> JANSSEN BIOTECH, INC.

<120> ANTIBODIES AGAINST INTEGRIN ALPHA 11 BETA 1

<130> MPI6002WOPCT1

<140>

<141>

<150> 63/213,973

<151> 2021-06-23

<150> 63/127,849

<151> 2020-12-18

<160> 443

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 417

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 1

atggattggt tgtggaactt gctattcctg atggtagttg cccaaagtgc tcaagcacag 60

atccagttgg tacagtctgg acctgaagta aagaagcctg gagagtcagt gaagatctcc 120

tgcaaggcct ctgggtatac cttcacagac tatgcaatga actgggtgaa acaggctcca 180
 ggaaatggcc tgaagtggat gggctggatc aacacccaaa ctggaaagcc aacatatgcg 240
 gatgatattca aacaacggtt tgtcttctct ttggaaactt ctgccagaac tacatatttg 300
 cagatcaaca acctcaatat tgaagacaca gctacatatt tctgtacgag attgggtaca 360
 ggtaatacga aggggtttgc ttactggggc caaggcactc tggtcactgt ctcttca 417

<210> 2

<211> 399

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"

<400> 2

atggaatcac agacgcatgt cctcatttcc cttctgtctt gtgtatcagg tacctgtggg 60
 gacattttga taaaccagtc tccagcctct ctgactgtgt cagcaggaga gagggtcact 120
 atgagctgca agtccagtc gagtcttcta tacagtgaac acaaccagga ctatttggt 180
 tgggtaccgc agaaaccagg acagtttctt aaattgctta tctatggggc atccaaccgg 240
 cacactgggg tccttgatcg cttcacaggc agtggatctg ggacagactt cactctgacc 300
 atcagcagtg tgcaggctga agacctggct gattattatt gtgagcagac ctacagatat 360

ccattcacgt tcggctcagg gacgaagttg gaaataaaa 399

<210> 3

<211> 414

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"

<400> 3

atggagttag aattgagctt aatttttatt ttttctctt taaaagatgt ccagtgtgaa 60
 gtacagctgg tggagtctgg aggaagcttg gttcaacctg ggggttctct gaaactctcc 120
 tgtgtagcct caggatacac tticagtaac tactggatgg actgggttcg gcagtctcct 180
 ggaaagtccc tggaatggat tggagagatt aacacggatg gcagaaggac caactatgca 240

ccatccataa aggatcgatt cacaatctcc agagacaatg ccaagagcac cctgtatctg 300
cagatgagca atgtgaaatc agatgacaca gccatttatt actgtaccat actacgggta 360
taccctcact actttgatta ctggggccaa ggagtcattg tcacagtctc ctca 414

<210> 4

<211> 396

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 4

atgatgagtc ctgcccagtt cctgtttctg ctaatgctct ggatccagga agcccgcgga 60
gatgttgtga tgaccagac accacgctct ttgtcggttg ccattggaca atcagtctcc 120

atctcttgca agtcaagtc gagcctcgta tatagtgatg gagagacata ttgcatgg 180
tttttacaga gtctggcag gtctccgaag cgctaattt atcacgtgtc taatctgggc 240
tctggagtcc ctgacaggtt cagtggcact ggatcactga cagattttac acttagaatc 300
agcagagtgg aggtgagga ttggggagtt tattactgcg cgcaactac acattttct 360
cccacgtttg gagctgggac caagctggaa ctgaaa 396

<210> 5

<211> 405

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 5

atggctgtcc tgggtgtgtt gctctgctg gtgacatttc caagctgtgc cctgtcccag 60
gtgcagttga aggagtcagg acctgggtctg gtgcagccct cacagacct gtccctcacc 120
tgactgtct ctgggttctc attaacagc aatagtgtta gctgggttcg ccaggctccg 180
ggaaagggtc tggagtggat gggagcaata tggagtgtg gaagcacaga ttataattca 240
gtctctcaat cccgactgag catcagcagg gacacctcca agagccaagt tttcttaaaa 300
atgaacagtc tgcaactga agacacagcc atttacttct gtaccagatc tactgggag 360

ccctttgatt actggggcca aggagtcacg gtcacagtct cctca 405

<210> 6

<211> 399

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 6

atggaatcac aaactcaggc cctcatatcc ctgctgctct gggtatatgg tacctgtggg 60

gacattgtga tgaccagtc tccattctcc ctggctgtgt cagaaggaga gatggtcact 120

ataaactgca agtcacagtc gggtctttta tccagtggaa accaaaagaa ctacttgccc 180

tgggtaccagc agagaccagg gcagctctct aaactactga tctactatgc atccactagg 240

caatcagggg tcctgatcg ctccataggc ggtggatctg ggacagactt cactctgacc 300

atcagcgatg tgcaggctga agacctggca gattattact gcctgcagca ttacagctat 360

cctcccacgt tcggttctgg gaccaagctg gagatcaaa 399

<210> 7

<211> 405

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 7

atggctgtcc tgggtgctgtt gctctgcctg gtgacatttc caagctgtgc cctgtcccag 60

gtgcagctga gggagtcagg acctgggtctg gtgcagccct cacagaccct gtccctcacc 120

tgcactgtct ctgggttctc attgaccagc aatagtgtga cctgggttcg ccagcctccg 180

ggaaagggtc tggagtggat gggagcgata tggagtgatg gaagcacaga ttataattca 240

actctcaaat cccgactgag catcagtagg gacacctcca agagccaagt tttcttaaaa 300

atgagcagtc tgcaaaacta agacacagcc atttacttct gtaccagatc ccaactgggag 360

ccctttgatt actggggcca aggagtcacg gtcacagtct cctca 405

<210> 8

<211> 394

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 8

atggaatcac aaactcaggc cctcatatcc ctgctgctct gggtatatgg tacctgtggg 60

gacattgtga tgaccacgtc tccactctcc ctggctgtgt cagaaggaga gacggtcact 120

atgaactgca agtccagtca gagtcttttt tccagtggaa atcaaaagaa ctacttggcc 180

tgggtaccagc agaaaccagg gcagtctcct aaactactga tctactatgc atccactagg 240

caatcagggg tccctgatcg cttcataggc agtggatctg ggacagactt cactctgacc 300

atcagcgatg tgcagactga agacctggca gattattact gcctgcagca ttacaactat 360

cctccacgt tcggttctgg gaccaagctg gaga 394

<210> 9

<211> 402

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 9

atggacttgc gactgactta tgtctttatt gttgctatit taaaagggtg cttgtgtgag 60

gtgaaactgg aggaatctgg gggagggttg gtgcaacctg gaatgtccgt gaaactctct 120

tgtgcaacct ctggattcat ttccagtac tactggatgg aatgggtccg ccaggctcca 180

gggaaggggc tagaatgggt agccgaaatt agaaacaaag ctaataatta tgcaacatac 240

tatgggaagt ctatgaaagg cagattcacc atctcaagag atgattccaa aagtatagtc 300

tacctacaag tgaacagcat aagatctgaa gatactgcta ttattactg tgcaccgaat 360

tttgattact ggggccaagg agtcatggtc acggtctcct ca 402

<210> 10

<211> 393

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 10

atgagtcctg tccagtcctt gtttttgcta ttgctttgga ttctgggaac ccatggtgat	60
gttgtgtga cccagactcc acccacttta tcggctacca ttggacaatc agtctctatc	120
tcttgacagt caagtcagag tctcttacat agtactggaa acacctatct aaattggttg	180
ctacagagggc caggccaacc tccgcaactt ctaatttatt tggtttccag actggaatct	240

ggggtcccca acaggttcag tgccagtggg tcaggaactg atttcacact caaaatcagt	300
ggaatagagg ctgaggatct gggggtttat tactgctgc aaagttccca tactccgtac	360
acgtttggga ctgggaccaa gctggaactg aaa	393

<210> 11

<211> 405

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 11

atggacatca ggctcagctt ggttttcctt gtccttttta tgaaaggtgt ccagtgtgag	60
gtgcagttgg tggagtctgg gggaggctta gtgcagcctg gaaggtccct gaaactctcc	120

tgtgcagcct cagattcac ttttagtgac tataacatgg cctgggtccg ccaggtcca	180
aagaagggtc tggagtgggt cgcaaccatt tatcatgatg atagtgggtc ttactatcga	240
gactccgtga agggccgatt caccatctcc agaaataatg caaaaagcac tctgtacctg	300
cagatggaca gtctgaggtc tgaggacatg gccacttatt actgtgcaag acataacaat	360
ggctttgatt actggggcca aggagtcatg gtcacagtcg cctca	405

<210> 12

<211> 393

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 12

atgaagtggc ctgttaggct gttggtgctg ttcttctgga ttcctgcttc cgggggtgat	60
gttgtgatga cacaaactcc agtctccctg cctgtccgcc ttggaggtca agcctctatc	120
tcttgccggt caagtcagag cctggtacac agtaatggaa acacctactt gcattggtac	180
ctacagaagc caggccagtc tccacagctc ctcatcaatc gggtttccaa cagattttct	240
ggggtgccag acaggttcag tggcagtggg tcagggacag atttcaccct caagatcaac	300
agagtagagc ctgaggactt gggagattat tactgcttac aaagtacaca tttccactc	360
acgttcggtt ctgggaccaa gctggagacc aaa	393

<210> 13

<211> 408

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 13

atggacatca ggctcagctt gggtttctt gtcttttca taaaaggtga ccagtgtgcg	60
gtgcaactgg tggagtctgg gggaggctta gtgcagcctg gaaggtccct gaaactctcc	120
tgtgcagcct caagaatcac ttctactgac tattacatgg cctgggtccg ccaggctcca	180
acgaagggtc tggagtgggt cgcaaccatt agttctgatg gtggtgacac ttctatcga	240
gactccgtga agggccgatt tactatctcc agagacaatg caaaaagcac cctatatattg	300
caaagtgtca gtctgaggtc tgaggacacg gccacttatt actgttcaac agatcgggga	360
gtcagtttg gttactgggg ccaaggcact ctggtcactg tctcttca	408

<210> 14

<211> 378

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 14

atggctccag tccagctctt agggctgctg ctgatttggc tcccagccat gagatgtgac	60
atccagatga cccagctccc ttcatctctg tctgcatctg tgggagacag agtctctatc	120
aactgcaaag caagtcagaa tggtcacgag aacctaact ggtatcagca aaagcttggg	180

gaagctccca aacgcctgat atataataca aacaatttgc aaacaggcat cccatcaagg	240
ttcagtggca gtggatctgg tgcagattac acactcacca tcagcagcct gcagcctgaa	300
gattttgcca catatttctg tttgcagcat aatgcttttc cgtacacgtt tggacctggg	360
acgaagctgg aactgaaa	378

<210> 15

<211> 366

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 15

gaggtccagc tgcaacagtc tggacctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtgaagata	60
ccctgcaagg ctcttgata cacattccct gactacaaca tggactgggt gaagcagagc	120
catggaaaga gccttgagtg gattggatat attaatcctg acaatggtgg tactatctac	180
aaccagaagt tcaagggcaa ggccacattg actgtagaca agtctccag cacagcctac	240
atggagctcc gcagcctgac atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagattagac	300
agctcaggct acggttacta tgctatggac tactggggtc aaggaacctc agtcaccgtc	360
tcctca	366

<210> 16

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 16

gacattgtgc tgaccaatc tccagcttct ttggctgtgt ctctaggga gagggccacc	60
---	----

atctcctgca gagccagcga aagtgttgat aattatggca ttagttttat gcactggtac 120
cagcagaaac caggacagcc acccaaactc ctcatctatc gtgcatccaa cctagactct 180
gagatccctg ccaggttcag tggcagtggg tctaggacag acttcaccct caccattgat 240
cctgtggaga ctgatgatgt tgcaacctat tactgtcagc aaagtataa ggatcctcgg 300
acgttcggtg gaggcaccaa gctggaaatc aaa 333

<210> 17

<211> 366

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 17

aaagtgatgc tggtaggagtc tgggggagcc ttagtgaagc ctggagggtc cctgaaactc 60
tcctgtgtag ccctcggatt cactttcagt aactatgcca tgtcttgggt tcgccagact 120
ccagagaaga ggctggagtg ggtcgcaacc attagtagtg gtggttatta cacttactat 180
ccagacagtg tgaagggtcg attcaccatc tccagagaca atgccaggaa caccctgttc 240
ctgcaaatga gcagtctgag gtctgaggac acggccatgt tttactgtgc aagagaggat 300

gattacggaa gatattccta tactatggac tactggggtc aaggaacctc agtcaccgtc 360
tcctca 366

<210> 18

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 18

gatgttgtga tgacccaaac tccactctcc ctgcctgtca gtcttggaga tcaagtctcc 60
atctcttgca gatgtagtca gaccttgta cacagtaatg gaaacaccta ttacattgg 120
tacctgcaga agccaggcca gtctccacag ctctgatct aaaaaatttc caaccgattt 180
tctgggggtcc cagacaggtt cagtggcagt ggatcaggga cagatttcac actcaagatc 240

agcagagtgg aggctgagga tctgggagtt tatttctgct ctcaaagtac acatgttccg 300
 tacacgttcg gaggggggac cgagctggaa ataaaa 336
 <210> 19
 <211> 357
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"
 <400> 19
 gaggtccagc tgcagcagtc tggacctgag ctggtaaagc ctggggcttc agtgaggata 60
 tcttgcgaagg ctcttgata cacattcact gactactaca tacactgggt gaagcagaag 120
 cctgggcagg gccttgaatg cattggagag atttacctg gaactgataa tacttactac 180
 agtaaaaaat tcaggggcaa ggccacactg actgcagaca aatcctccga cacagcctac 240
 atgcagctca gcagcctgac atctgaggac tctgcagtct atttctgtgc aagaggagac 300
 tactataggg ggtacttcga tgtctggggc gcagggacca cggtcaccgt ctctca 357
 <210> 20
 <211> 336
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"
 <400> 20
 gatgttgtga tgactcagac ctactcact ttgtcggtta ccattggaca accagcctcc 60
 atctcttgca agtcaagtca gagcctctta catagtaatg gaaagacata ttgaattgg 120
 ttattacaga ggccaggcca gtctccaaag ttctaatct atctggtgtc taaactggaa 180
 tctggagtcc ctgacaggtt cagtggcagt ggatcagga cagatttcac actgaaaatc 240
 agcagagtgg aggctgagga tttgggggtt tattactgct tgcaatctac acattttcct 300
 tggacgttcg gtggaggcac caagctggaa atcaaa 336
 <210> 21
 <211> 357
 <212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 21

gaggtccagc tgcagcagtc tggacctgag ctggtaaagc ctggggcttc agtgaagaaa	60
tcctgcaagg ctcttgata cacattcact gactactaca tgcactgggt gaagcagaag	120
cctgggcagg gccttgagt gattggaaag atttatcctg gaagtggtaa tactcactac	180
aatgagaagt tcaagggcaa ggccacactg actgcagaca aatctccag cacagcctac	240
atgcagctca gcagcctgac atctgaggac tctgcagtct atttctgtgc aaccaattac	300
tacggtctaca gggcaatgaa ctattgggggt caaggatcct cagtcaccgt ctctca	357

<210> 22

<211>

321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 22

gacatccatt tgaccagtc tccatcctcc ttatctgcct ctctgggaga aagaatcagt	60
ctcacttgcc gggcaagtca ggacatttat attagcttaa actggtttca gcagaaacca	120
gatggaacta ttaaaactct gatctacggc acatccagtt tagattctgg tgtecccaaa	180
aggttcagt gtagtaggtc tgggtcagat tattctctca ccatcagcag ccttgagtct	240
gaagattttg cagactatta ctgtctacaa tatgctagtt ctccgtacac gtccggaggg	300

gggaccaagc tggaataaaa a	321
-------------------------	-----

<210> 23

<211> 363

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 23

gaggtccagc tgcagcagtc tggacctgag ctggtaaagc ctggggcttc agtgaagata	60
tcctgcaagg ctcttgata cacattcact gactactaca tgcactgggt gaagcagaag	120
cctgggcagg gccttgagtg gattggagag atttatctg gaagtggtaa tccttactac	180
aatgagaagt tcaagggcaa ggccacactg actgcagaca aatcatccag ctcagcctac	240

atgcagctca gcagcctgac atctgaggac tctgcagtct atttctgtgc aagaacctec	300
tacggtagag tagggacagg gtttgcttac tggggccaag ggactctggt cactgtctct	360
gca	363

<210> 24

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 24

aattttgtga tgacccaaac tccactctcc ctgcctgtca gtcttggaga tcaagcctcc	60
atctcttgca gatctagtc gagccttcta cacagtaacg gaaacaccta ttacattgg	120

tacctgcaga agccaggcca gtctccaaag ctctgatct acaaagtctc caaccgattt	180
tctggggctc cagacagggt cagtggcagt ggatcaggga cagatttcac actcaagatc	240
aacagagtgg agactgagga tctgggaatt tatttctgct ctcaaagttc acatgttccc	300
acgttcggtg ctgggaccaa gctggagctg aaa	333

<210> 25

<211> 351

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 25

caggtccagc tgcagcagtc tggggctgaa ctggcaaaac ctggggcctc agtgaagatg	60
tcctgcaagg ctcttggtca cacctttact aactactgga tgcactgggt aaaacagagg	120

cctggacagg gtctggaatg gattggatac attaatccta acaatggtta tactgagtac 180
aatcagcgat tcaaggacaa ggccacattg actgcagaca gatcctccac cacagcctac 240
atgcaactaa gcagcctgac atctgaggac tctgcagtct attactgtgc aagatccgat 300
atcattacga cagactactg gggccaaggc accactctca cagtctcctc a 351

<210> 26

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 26

gatgttgta tgacccaaac tccactctcc ctgcctgtca gtcttggaga tcaagcctcc 60
atctcttgca gatctagta gaccttgta tatagtaatg gaaataccta ttacattgg 120
tacctgcaga agccaggcca gtctccaaag ctctgatct acaaagtttc caaccgattt 180
tctggggccc cagacaggtt cagtggcagt ggatcaggga cagatttcac actcaagata 240
agcagagtgg aggtgagga tctgggagtt tatttctgct ctcaaagta acatgttcg 300
tgacgttcg gtggaggcac caagctggaa atcaaa 336

<210> 27

<211>

357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 27

gaagtgaagc ttgaggagtc tggaggagc ttggtgcaac ctggaggatc catgaaactc 60
tcttgctgct cctctggatt cacttttagt gacgcctgga tggactgggt ccgccagtct 120
ccagaggcgg ggcttgagtg ggttgctgaa attagaaaca aagtcataa tctgcaaca 180
tactatgctg agtctgtgaa agggagattc accatctcaa gagatgattc caaaagtagt 240
gtctacctgc aaatgaacag cttaagagct gaagacactg gcatttatta ctgtacctta 300

gtagcccctg atgctatgga ctactggggt caaggaacct cagtcaccgt ctctca 357

<210> 28

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 28

gacattgtga tgtcactgtc tccatcctcc ctagctgtgt cagttggaga gaaggttact	60
atgagctgca agtccagtc gagcctttta tatagtcgca atcaaaagaa ctacttggcc	120
tggtaccagc agaaaccagg gcagtctcct aaactgctga ttacttgggc atccactagg	180
gcactctggag tccctgatcg cttcacaggc agtggatctg ggacagattt cactctcacc	240

atcagcagtg tgaaggctga agacctggca gtttattact gtcagcaata ttatagctat	300
ccgtacacgt tcggaggggg gaccaagctg gaaataaaa	339

<210> 29

<211> 348

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 29

caggtccaac tgcagcagtc tgggcctgag ctggtgaggc ctggggcttc agtgaagatg	60
tcctgcaagg cttcaggcta taccttcacc agctactgga tgacttgggt gaaacagagg	120
cctggacaag gccttgagtg gattggcatg attgatcctt ccaatagtga aacttggtta	180

aatcagaagt tcaaggacaa ggccacattg aatgtagaca aatcctccaa cacagcctac	240
atgcagctca gcagcctgac atctgaggac tctgcagtct attactgtgc aagatatgat	300
ggttactacg actactgggg ccaaggcacc actctcacag tctcctca	348

<210> 30

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 30

aacattgtgc tgacccaatc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atatcctgca gagccagtga aagtgttgat agttatggca atagttttat gcactggtac 120

cagcagaaac caggacagcc acccaaaactc ctcatctatc ttgcatccaa cgtagaatct 180

ggggtccttg ccaggttcag tggcagtggg tctaggacag acttcaccct caccattgat 240

cctgtggagg ctgatgatgc tgcaacctat tactgtcagc aaaataatga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gaggcaccaa gctggaaatc aaa 333

<210> 31

<211> 354

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 31

caggtccaac tgcagcagcc tggggctgag ctggtgaggc ctggggcttc agtgaagctg 60

tcctgcaagc cttctggcta caccttcacc agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacaag gccttgaatg gattggtatg attgatcctt cagacagtga aactcactac 180

aatcaaatgt tcaaggacaa ggccacattg actgttgaca aatcctcaa cacagcctac 240

atgcagctca gcagcctgac atctgaggac tctgcggtct attactgtgc gcagatctac 300

tatgcttacg acaaggctta ctggggccaa gggactctgg tcactgtctc tgca 354

<210> 32

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 32

gacattgtga tgtcacagtc tccatcctcc ctagctgtgt cagttggaga gaaggttact 60

atgagctgca agtccagtc gagcctttta tatagtagcc atcaaaagaa ctacttgccc 120
 tggtagcagc agaaaccagg gcagctctct aaactgctga ttacttgggc atccactagg 180
 gaatctgggg tccctgatcg cttcacaggc agtggatctg ggacagattt cagtctcacc 240
 atcagcagtg tgaaggctga agacctggca gtttattact gtcaggaata ttatagctgg 300
 acgttcggtg gaggcaccaa gctggaaatc aaa 333

<210> 33

<211>

354

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"

<400> 33

gaggtccagc tgcaacaatc tggacctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtgaagata 60
 tcctgtaagg ctcttgata cacgttact gactactaca tgaactgggt gaagcagagc 120
 catggaaaga gccttgagt gattggagat attaactctc acaatggtgg tactagcttc 180
 atccagaagt tcaagggcaa ggccacattg actgtagaca agtcctccag cacagcctac 240
 atggagctcc gcagcctgac atctgaggac tctgcagtct attattgtgc ccctctggga 300

cgaaaggagg ggtttgctta ctggggccaa gggactctgg tcactgtctc tgca 354

<210> 34

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"

<400> 34

gacactgtgc tgacacagtc tcctgcttcc ttagttgtat ctctggggca gagggccacc 60
 atctcatgca gggccagcaa aagtgtcagt acatctggct atagtatat gcactggtac 120
 caacagaaac caggacagcc acccaaactc ctcatctatc ttgcatcaa cctagaatct 180
 ggggtccctg ccaggttcag tggcagtggg tctgggacag ccttcaccct caacatccat 240

cctgtggagg aggaggatgc tgcaacctat tactgtcagc acagtaggga gcttccttac 300

acgttcggag gggggaccaa gctggaaata aaa 333

<210> 35

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 35

caggttactc tgaagagtc tggccctggg atattgcagc cctcccagac ctcagtcctg 60

acttgttctt tctctgggtt ttcactgagc acttttgcta tgggtgtagg ctggattcgt 120

cagccttcag ggaagggtct ggagtggctg gcacacattt ggtgggatga tgataagtac 180

tataaccag cctgaagag ccggtcaca atctccaagg atacctcaa aaaccatgta 240

ttctcaaga tcgccaatgt ggacactgca gatactgcca catactactg tgctcgaatg 300

ccgctaactt tctactttga ctactggggc caaggcacca ctctcacagt ctctca 357

<210> 36

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 36

gatgttttgc tgacccaaac tccactctcc ctgcctgtca gtcttggaga tcaagcctcc 60

atctcttgca gatctagtca gagcattgta catagtaatg gacacaccta tttagaatgg 120

tacctgcaga aaccaggcca gtctccaaag ctctgatct acaaagtttc caaccgattt 180

tctggggtcc cagacagggtt cagtggcagt ggatcaggga cagatttcac actcaagatc 240

agcagagtgg aggtgagga tctgggagtt tattactgct ttcaaggttc acatgttccg 300

ttcacgttcg gaggggggac caagctggaa ataaaa 336

<210> 37

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 37

caggttactc tgaagagtc tggccctggg atattgcagc cctcccagac ctcagtcg 60

acttgttctt tctctgggtt ttcactgaga acttttgcta tgggtgtagg ctggattcgt 120

cagccttcag ggaagggctc ggagtggctg gcacacattt ggtgggatga tgataagtac 180

tataaccag cctgaagag cggctcaca atctccaagg atacctcaa aaaccaggta 240

ttcctcaaga tcgccaatgt ggacactgca gatactgcca catactactg tgctcgaatg 300

ccgctaactt tctacttga ctactggggc caaggcacca ctctcacagt ctctca 357

<210> 38

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 38

gatgttttga tgacccaac tccactctcc ctgctgtca gtcttggaga tcaagcctcc 60

atctcttgta gatctagta gagcattgta catagtaatg gaaacaccta tttagaatgg 120

tacctgcaga aaccaggcca gtctccaaag ctctgatct acaaagtttc caccgattt 180

tctgggtcc cagacaggtt cagtggcagt ggatcaggga cagatttcac actcaagatc 240

agcagagtgg aggtgagga tctgggagtt tattactgct ttcaaggttc acatgttccg 300

ttcacgttcg gaggggggac caagctggaa ataaaa 336

<210> 39

<211>

345

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 39

caggtccaac tgcagcagcc tggggctgaa cttgtgatgc ctggggcttc agtgaagctg 60
 tcctgcaagg ctcttggtca caccctcacc aactactgga tgcactgggt gaaacagagg 120
 cctggacaag gccttgagtg gatcggagag attgatcctt ctgatagtta tactaactac 180
 aatcaaaagt tcaagggcaa ggccacattg actgtagaca aatcctccag cacagcctac 240
 atgcagctca gcagcctgac atctgaggac tctgcggtct attactgtac aagacagggt 300

agtacctacg cgtgggggtca aggaacctca gtcaccgtct cctca 345

<210> 40

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"

<400> 40

gatattgtga tgacgcaggc tgcattctcc aatccagtca ctcttggaac atcagcttcc 60
 atctcctgca ggtctagtaa gagtctccta catagtaatg gcatcactta ttgtattgg 120
 tatctgcaga agccaggcca gtctcctcag ctcttgatit atcagatgtc caaccttgcc 180
 tcaggagtcc cagacaggtt cagtagcagt gggtcaggaa ctgatttcac actgagaatc 240

agcagagtgg aggctgagga tgtgggtgtt tattactgtg ctcaaaatct agaacttct 300

ccgacgttcg gtggaggcac caagctggaa atcaaa 336

<210> 41

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"

<400> 41

gaggtccagc tgcaacaatc tggacctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtgaagatg 60
 tcctgtaagg ctcttgata cacattcact gactactaca tgatgtgggt gaagcagagt 120
 catggaaga gccttgagtg gattggagat attaatectt acaatggtgg ttctagctac 180

aacccgaagt tcaagggcag ggccacattg actgtagaca aatcctccag cacagcctac 240

atgcagctca acagcctgac atctgaggac tctgcagtct attactgtgc aagagggact 300
tactggggcc aagggactct ggtcactgtc tctgca 336

<210> 42
<211> 336
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 42

gatgttgtga tgaccagac tccactcact ttgtcggta ccattggaca accagcctcc 60
atctcttgca agtcaagta gagcctctta gatagtctg gaaagacata ttgaattgg 120

ttgttacaga ggccaggcca gtctccaaag cgcctaattgt atctggtgtc taaactggac 180
tctggagtcc ctgacaggtt cactggcagc ggatcaggga cagatttcac actgaaaatc 240
agcagagtgg aggctgagga tttgggagtt tattattgct ggcaaggtac acattttccg 300
tacacgttcg gaggggggac caagctggaa ataaaa 336

<210> 43
<211> 336
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 43

caggtccaac tgcagcagcc tggggctgag cttgtgaagc ctggggcttc agtgaagttg 60

tcctgcaagg ctcttgcta caccttcacc agctactgga tgcactggat aaagcagaga 120
cctggacaag gccttgagtg gattggagag attaaccta gcaatggtgg ttctaactac 180
aatgagaagt tcaagagcaa ggccacactg actgtagaca aatcctccag cacagcctac 240
atgcaactca gcagcctgac atctgaggac tctgcggtct atcactgtaa aagcagaggc 300
tactggggcc aaggcaccac tctcacgtc tctca 336

<210> 44
<211> 336
<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 44

gatgttgtga tgacccagac tccactcact ttgtcggta ccattggaca accagcctcc	60
atctcttgca agtcaagtca gaggctctta gatagttatg gaaagacata tttgaattgg	120
ttgttacagc ggccaggcca gtctccaaag cgcctaactc atctggtgtc taaattggac	180
tctggagtcc ctgacaggtt cactggcagt ggatcaggga cagatttcac actgaaaatc	240
agcagagtgg aggctgagga ttgggaatt tattattgct ggcaaggtac acatttcct	300
cacacgttcg gctcggggac aaagttggaa ataaaa	336

<210> 45

<211>

354

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 45

caggttcagc tgcagcagtc tggagctgag ctggcgaggc ctggggcttc agtgaaactg	60
tcctgcaagg ctcttggtca cacttcaca agctatggtg taagctgggt gaaacagaga	120
actggacagg gccttgagtg gattggagag atttttccta gaagtagtaa tacttactat	180
aatgagaagt tcaagggcaa ggccacactg actgcagaca agtcctccag cacagtgtac	240
atggagttcc gcagcctgac atctgaggac tctgcgtctc atttctgtgc aagagagggg	300

ggcctggcct ggtttgctta ctggggccaa gggactctgg tcaactgtctc tgca	354
--	-----

<210> 46

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 46

gatgttgtga tgaccagac tccactcact ttgtcggta ccattggaca accagcttcc	60
atctcttgca agtcaagtca gagcctctta tataactaatg gaaacaccta ttgaattgg	120
ttattacaga ggccaggcca gtctccaaaa cgcctaactt atctgggtgc taaattggac	180
tctggaatcc ctgacaggtt cagtggcagt ggatcaggga cagatttcac actgagaatc	240

agcagagtgg aggctgagga ttggggagt ttactactgct tgcagagtac acattttcca	300
ttcacgttcg gctcggggac aaagtggaa ataaaa	336

<210> 47

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 47

gaggtccagc tgcaacaatc tggacctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtgaagatg	60
tcctgtaagg ctcttgata cacaatcact gactactaca tgatgtggtt gaagcagagt	120
catggaaaga gccttgaatg gattggagat attaatacctt acactggtgg tactagctac	180

aaccagaagt tcaagggcaa ggccacattg actgtagaca aatcctccag cacagcctac	240
ctgcagctcc acagcctgac atctgaggac tctgcagtct attactgtgc aagaggggcc	300
tactggggcc aaggcaccac tctcacagtc tctca	336

<210> 48

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 48

gatgttgtga tgaccagac tccactcact ttgtcggta ccattggaca accagcctcc	60
atctcttgca agtcaagtca gagcctctta gatagtgatg gaaagacata ttgaattgg	120
ttgttacaga ggccaggcca gtctccaaag cgcctaactt atctgggtgc taaactggac	180

tctggagtcc ctgacaggtt cactggcagt ggatcaggga cagatttcac actgaaaatc 240
agcagagtgg aggctgagga tttgggagtt tattattgct ggcaaggtac acattttccg 300
tacacgttcg gaggggggac caagctggaa ataaaa 336

<210> 49

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 49

gaggtccagc tgcaacaatc tggacctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtgaagatg 60

tcctgtaagg ctcttgata cacaatcact gactactaca tgatgtggtt gaagcagagt 120
catggaaaga gccttgaatg gattggagat attaatacctt aacttggtgg tactagctac 180
aaccagaagt tcaagggaac ggccacattg actgtagaca aatcctccag cacagcctac 240
atgcagctca acagcctgac atctgaggac tctgcagtct attactgtgc aagagggggc 300
tactggggcc aaggcaccac tctcacagtc tctca 336

<210> 50

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 50

gatgttgtga tgaccagac tccactcact ttgtcggta ccattggaca accagcctcc 60
atctcttgca agtcaagtca gacgtctta gatagtgatg gaaagacata ttgaattgg 120
ttgttacaga ggccaggcca gtctccaaag cgcctaactt atctggtgtc taaactggac 180
tctggagtcc ctgacaggtt cactggcagt ggatcaggga cagatttcac actgaaaatc 240
agcagagtgg aggctgagga tttgggagtt tattattgct ggcaaggtac acattttccg 300
tacacgttcg gaggggggac caagctggaa ataaaa 336

<210> 51

<211>

336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 51

gaggtccagc tgcaacaatc tggacctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtgaagata	60
tcctgtaagg ctcttgata cacgttact gactactaca tgaactgggt gaagcagagc	120
catggcagga gccttgagtt gattggagat attaatccta acaatggtgg ttctaacttc	180
aaccagaagt tcaggggcaa ggccacattg actgtagaca agtctccag cacagcctat	240
atggagctcc gcagcctgac atctgaggac tctgcaatct attactgtgc aagaatgggt	300

tactggggcc aagggaactct ggtcactgtc tctgca	336
--	-----

<210> 52

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 52

gatgttgtga tgaccagac tccactcact ttgtcggtta ccattggaca accagcctcc	60
atctcttgca agtcaagta gagcctctta catagtgatg gaaagacata ttgaattgg	120
atgttcaga ggccaggcca gtctccaaag cgctaactct atctggtgtc taaactggac	180
tctggagtcc cttacaggtt cactggcgggt ggatcaggga cagatttcac actgcaaac	240

agcagagtgg agactgagga tttgggagtt tattattgct ggcaaggtac acattttcct	300
cggacgttcg gtggaggcac caagctggaa atcaaa	336

<210> 53

<211> 342

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 53

gaggtccagc tgcagcagtc tggacctgaa ctggtcaagc ctggggcttc agtgaagatg	60
tcctgcaagg ctcttgata cacattcact gactactaca tacactgggt gaagcagaag	120
cctgggcagg gccttgagta cattggagag atttatcctg gaagtggtaa tacttactac	180
aatgggaagt tcaggggcaa ggccacactg actgcagaca agtcctccag cacagcctac	240
atgcagctca gcagcctgac atctgaggac tctgcagtct atttctgtgg tagtggctac	300
tttgactact ggggccaagg caccactctc acagtctcct ca	342

<210> 54

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 54

gatgttgtga tgaccagac tccactcact ttgtctgtta ccattggaca gccagcttcc	60
atttcttgca agtcaagtca gaggctctta tatagtaatg gaaaaaccta ttgaattgg	120
ttattacaga gtccaggcca gtctccaaag ctctaatct atctggtgtc taaactggaa	180
tctggagtcc ctgacagatt cagtggcagt ggatcaggga cagattttac actgaaactc	240
agcagagtgg aggctgagga ttggggagta tattactgcg tgcaaggtac acatttccca	300
ttcacgttcg gctcggggac aaagttggaa ataaaa	336

<210> 55

<211> 1368

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 55

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgt tcaaaggtgt ccagtgtcag	60
gagcaactgg tggagtccgg gggagacctg gtcaagcctg gggcatcct gacactcacc	120

tgcacagcct ctggattctc cttcaataag aattattgga tgtgctgggt cgcaggct 180
ccaggaagg ggctggagtg gatcgatgc attataatg gtgatggca cacatactac 240
gcgagctggg tgaatggcgg attcaccatc tccaaaacct cgtcgaccac ggtgactctg 300
caaatgacca gtctgacagt cgcggacacg gccatctatt tctgtcgag actactaat 360
atgtggggcc caggcacctt ggtcacctgc tcctcagggc aacctaggc tccatcagtc 420
ttccactgg cccctgctg cggggacaca ccagctcca cggtagcctt gggctgcctg 480

gtcaaaggct acctcccgga gccagtacc gtgacctgga actcgggcac cctcaccaat 540
ggggtacga ccttcccgtc cgtccggcag tcctcaggcc tctactcgt gagcagcgtg 600
gtgagcgtga cctcaagcag ccagcccgtc acctgcaac tggccaccc agccaccaac 660
accaaagtgg acaagacctt tgcgcctcg acatgcagca agcccatgtg cccacccct 720
gaactcccg ggggaccgtc tgtcttcac tccccccaa aaccaagga caccctcatg 780
atctcacga ccccgagggt cacatgcgtg gtggtggacg tgagccagga tgaccccgag 840
gtgcagttca catggtacat aaacaacgag caggtgcga cgcggcgcc gccgtacgg 900

gagcagcagt tcaacagcac gatccgctg gtcagcaccc tcccctcgc gcaccaggac 960
tggtgaggg gcaaggagtt caagtcaaa gtccacaaca aggcactccc ggcccccatc 1020
gagaaaacca tctccaaagc cagagggcag cccctggagc cgaaggctta cccatgggc 1080
cctccccggg aggagctgag cagcaggtcg gtcagcctga cctgcatgat caacggcttc 1140
taccttccg acatctcgtt ggagtgggag aagaacggga aggcagagga caactacaag 1200
accacgccga ccgtgctgga cagcgacggc tcctacttcc tctacagca gctctcagtg 1260
cccacgagtg agtggcagcg gggcgacgtc ttcacctgct ccgtgatgca cgaggccttg 1320

cacaaccact acacgcagaa gtccatctcc cgctctccgg gtaaatag 1368

<210> 56

<211> 720

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 56

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggtcctac tgctctggt cccaggtgcc 60
agatgtgctg acattgtgat gaccagact ccagcctccg tggaggcagc tgtgggaggc 120
acagtcacca tcaagtcca ggccagttag agcattggca atgcattagc ctggtatcag 180

cagaaaccag ggcagcctcc caagctcctg atctatactg cagccactct ggcactctggg 240

gtcccatcgc ggttcagcgg cagtggatct gggacagagt tcactctcac catcagtggc 300

gtgcagtgtg acgatgctgc cacttactac tgtcaaagct attatittac tagtgtagt 360

agttatggca atgctttcgg cggagggacc gaggtggtgg tcaaaggtga tccagtigca 420

cctactgtcc tcactttccc accagctgct gatcaggtgg caactggaac agtcaccatc 480

gtgtgtgtgg cgaataaata ctttcccgat gtcaccgtca cctgggaggt ggatggcacc 540

acccaacaa ctggcatcga gaacagtaa acaccgcaga attctgcaga ttgtacctac 600

aacctcagca gcaactctgac actgaccagc acacagtaca acagccacaa agagtacacc 660

tgcaaggtga cccagggcac gacctcagtc gtccagagct tcaatagggg tgactgttag 720

<210> 57

<211> 1401

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 57

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag 60

tcgttggagg agtccggggg agacctgttc aagcctgggg catccctgac actcacctgc 120

agagtctctg gattctcctt cagtagcagt tattatatgt gttgggtccg ccaggtcca 180

gggaaggggc tggaatggat cgcattgatt ggtactactc gtggtagcac ttactacgcg 240

acctgggcga aaggccgatt caccatttct aaaatctcgt cgaccacggt gactctacaa 300

atgaccagtc tgacagacgc ggacacggcc acctatttct gtgcgagaga tgctactggt 360

tataggatta acacgattgg cctctatttt aatttgtggg gccaggcac cctgggtcacc 420

gtctctcag ggcaacctaa ggctccatca gtcttccac tggccccctg ctgcggggac 480

acaccagct ccacggtgac cctgggctgc ctggtcaaag gctacctccc ggagccagtg 540

accgtgacct ggaactcggg caccctcacc aatggggtac gcacctccc gtccgtccgg 600

cagtcctcag gcctctactc gctgagcagc gtggtgagcg tgacctcaag cagccagccc 660

gtcacctgca acgtggccca cccagccacc aacaccaaag tggacaagac cgttgcgccc 720

tcgacatgca gcaagcccat gtgccacccc cctgaactcc cggggggacc gtctgtcttc 780

atcttcccc caaaacccaa ggacacctc atgatctcac gcacccccga ggtcacatgc 840

gtggtggtgg acgtgagcca ggatgacccc gaggtgcagt tcacatggta cataaacaac 900
gagcagggtgc gcaccgcccc gccgccgcta cgggagcagc agttcaacag cacgatccgc 960
gtggtcagca ccctcccat cgcgaccag gactggctga ggggcaagga gttcaagtgc 1020
aaagtccaca acaaggcact cccggcccc atcgagaaaa ccatctccaa agccagaggg 1080

cagccccctgg agccgaaggt ctacaccatg ggccctcccc gggaggagct gagcagcagg 1140
tcggtcagcc tgacctgcat gatcaacggc ttctaccctt ccgacatctc ggtggagtgg 1200
gagaagaacg ggaaggcaga ggacaactac aagaccacgc cgaccgtgct ggacagcgac 1260
ggctcctact tctctacag caagctctca gtgccacga gtgagtggca gcggggcgac 1320
gtcttcacct gtcctgat gcacaggcc ttgcacaacc actacacga gaagtccatc 1380
tcccgtctc cgggtaata g 1401

<210> 58

<211> 714

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 58

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggtcctgc tgctctggt cccaggtgcc 60
agatgtgctg tcgaattgac ccagactcca tctccgtgg aggtgctgt gggaggcacg 120
cccaccatca agtgccaggc cagtcagacc atttacagtt acttatcctg gtatcagcag 180
aaaccagggc agcctccaa gtcctgatc tatgaagcgt ccaaactggc ctctggggtc 240
ccatcgcggt tcagcggcag tggatctggg acagactaca ctctacccat cagcgacctg 300
gagtgtgccg atgtgccac ttactactgt caaagctatc atggtactgc tagtactgaa 360

tataatactt tcggcggggg gaccgaggtg gtggtcagag gtgatccagt tgcacctact 420
gtcctcatct tcccaccagc tgctgatcag gtggcaactg gaacagtcac catcgtgtgt 480
gtggcgaata aatactttcc cgatgtcacc gtcacctggg aggtggatgg caccacccaa 540
acaactggca tcgagaacag taaaacaccg cagaattctg cagattgtac ctacaacctc 600
agcagcactc tgacactgac cagcacacag tacaacagcc acaaagagta cacctgcaag 660
tgaccccagg gcacgacctc agtcgtccag agcttcaata ggggtgactg ttag 714

<210> 59

<211> 1401

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 59

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag	60
cagcagctgg tggagtccgg gggaggcctg gtcaagcctg gggcagccct gacattcacc	120
tgcacagcct ctggattctc cttcagtggc aattattgga tatgtctgggt ccgccaggct	180
ccaggggaagg ggttggagtg gatcgcgctg attggtacta ttactagtag gacatactac	240
gcgagctggg cgaaaggccg attcaccatt tccaaaacct cgtcgaccac ggtgactctg	300
caaatgacca gtctgacagc cgcggacacg gccacgtatt tctgtgcgag aggtgcggtt	360

gttagtagtg gtaatgtccc ctactacttt accttgtggg gcccaggcac cctggtcacc	420
gtctcctcag ggcaacctaa ggctccatca gtcttccac tggccccctg ctgcggggac	480
acaccagct ccacggtgac cctgggctgc ctggtcaaag gctacctccc ggagccagtg	540
accgtgacct ggaactcggg caccctcacc aatggggtac gcacctccc gtccgtccgg	600
cagtctcag gcctctactc gctgagcagc gtggtgagcg tgacctcaag cagccagccc	660
gtcacctgca acgtggccca cccagccacc aacaccaaag tggacaagac cgttgcgccc	720
tcgacatgca gcaagcccat gtgcccaccc cctgaactcc cggggggacc gtctgtcttc	780

atcttcccc caaaacccaa ggacacccctc atgatctcac gcacccccga ggtcacatgc	840
gtggtggtgg acgtgagcca ggatgacccc gaggtgcagt tcacatggta cataaacaac	900
gagcaggtgc gcaccgcccc gccgccgcta cgggagcagc agttcaacag cacgatccgc	960
gtggtcagca ccctccccat cgcgcaccag gactggctga ggggcaagga gttcaagtgc	1020
aaagtccaca acaaggcact cccggccccc atcgagaaaa ccatctcaa agccagaggg	1080
cagccctgg agccgaaggt ctacaccatg ggccctcccc gggaggagct gagcagcagg	1140
tcggtcagcc tgacctgcat gatcaacggc ttctaccctt ccgacatctc ggtggagtgg	1200

gagaagaacg ggaaggcaga ggacaactac aagaccagc cgaccgtgct ggacagcgac	1260
ggctcctact tcctctacag caagctctca gtgccacga gtgagtggca gcggggcgac	1320
gtcttcacct gtcctgat gcacaggcc ttgcacaacc actacagca gaagtccatc	1380
tcccgtctc cgggtaaata g	1401

<210> 60

<211> 711

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 60

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggct cccaggtgcc 60

agatgtgcat tcgaattgac gcagactcca tctcctgagg aggcagctgt gggaggcaca 120

gtcaccatca agtgccaggc cagtcagagc attagtagtt acttaccctg gtatcagcag 180

aaaccagggc agcctcccaa gctcctgac tacagggcat ccactctgga atctggggtc 240

ccatcgcggt ttaaaggcag tggatctggg acagagtcca ctctacccat cagcgacctg 300

gagtgtgccg atgctgccac ttacttctgt caaagctatt atggtgttac ttttagtggt 360

tttgctttcg gcggagggac cgaggtgggt gtcaaagggtg atccagttgc acctactgtc 420

ctcatcttcc caccagctgc tgatcagggtg gcaactggaa cagtcacccat cgtgtgtgtg 480

gcgaataaat actttcccga tgtaaccgtc acctgggagg tggatggcac cacccaaaca 540

actggcatcg agaacagtaa aacaccgcag aattctgcag attgtacctc caacctcagc 600

agcactctga cactgaccag cacacagtac aacagccaca aagagtacac ctgcaagggtg 660

acccagggca cgacctcagt cgtccagagc ttcaataggg gtgactgtta g 711

<210> 61

<211> 1383

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 61

atggagactg ggcctgcctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaagggtg ccagtgtcag 60

tcgttggagg agtccggggg agacctgggtc aagcctgggg catccctgac actcacctgc 120

aaagcctctg gaatcgactt caataactat tggataacct gggctcgcca ggctccaggg 180

aaggggctgg agtggatcgc atgcatttat gttggaatta ccggccgcac atggtacgcg 240

aactgggcga aaggccgatt caccatctcc aaggcctcga gcacggtgga tctgaaaatg 300

accagtctga cagccgcgga cacggccacc tatttctgtg cgaggaatgg tgatggtggt 360
 atttatgtct ttaacttgtg gggcccaggc accctggta cgtctcttc agggcaacct 420
 aaggctccat cagtcttccc actggccccc tgcgtcgggg acacaccag ctccacggtg 480

accctgggct gcctgggtcaa aggctacctc ccggagccag tgaccgtgac ctggaactcg 540
 ggccacctca ccaatgggtt acgcaccttc ccgtccgtcc ggagtcctc aggcctctac 600
 tcgtgagca gcgtgggtgag cgtgacctca agcagccagc ccgtcacctg caacgtggcc 660
 caccagcca ccaacaccaa agtggacaag accgttgccg cctcgacatg cagcaagccc 720
 atgtgcccac cccctgaact cccgggggga ccgtctgtct tcattctccc cccaaaaccc 780
 aaggacccc tcattgcttc acgcaccccc gaggtcacat gcgtgggtgt ggacgtgagc 840
 caggatgacc ccgaggtgca gttcacatgg tacataaaca acgagcaggt gcgcaccgcc 900

cgcccgccgc tacgggagca gcagttcaac agcacgatcc gcgtgggtcag caccctcccc 960
 atcgcgacc aggactggct gaggggcaag gagttcaagt gcaaagtcca caacaaggca 1020
 ctcccgccc ccatcgagaa aaccatctcc aaagccagag ggagcccct ggagccgaag 1080
 gtctacacca tgggcccctc ccgggaggag ctgagcagca ggtcgggtcag cctgacctgc 1140
 atgatcaacg gcttctacct ttccgacatc tcggtggagt gggagaagaa cgggaaggca 1200
 gaggacaact acaagaccac gccgacctg ctggacagcg acggtccta ctctctctac 1260
 agcaagctct cagtgcacc gagtgagtgg cagcggggcg acgtcttcac ctgctccgtg 1320

atgcacgagg ccttgacaaa ccactacacg cagaagtcca tctccgctc tccgggtaaa 1380
 tag 1383

<210> 62
 <211> 717
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"
 <400> 62

atggacacga gggccccac tcagctgtg gggctcctgc tgctctggt cccaggtgcc 60
 acatttgac aagtgtgac ccagactgca tcgtccgtgt ctgcagctgt gggaggcaca 120
 gtccatca gttgccagtc cagtcagat gtttataata ataattggtt agcctggtat 180

cagcagaaac cagggcagcc tccaagctc ctgatctaca gggcatccac tctgacatct 240

ggggtcccat cgcggttcaa aggcagtgga tctgggacac agttcactct caccatcagc 300
gacctggagt gtgacgatgc tgccacttac tactgtgcag gcggttatag tggtaatatt 360
tacgtaaattg atttcggcgg agggaccgag gtggtggtca aaggatgatcc agttgcacct 420
actgtcctca tcttcccacc agctgctgat cagggtggca ctggaacagt caccatcgtg 480
tgtgtggcga ataaatactt tcccgatgtc accgtcacct gggaggtgga tggcaccacc 540
caaacaactg gcatcgagaa cagtaaaaca ccgcagaatt ctgcagattg tacctacaac 600

ctcagcagca ctctgacact gaccagcaca cagtacaaca gccacaaaga gtacacctgc 660
aaggtagacc agggcacgac ctcagtcgtc cagagcttca atagggtgga ctgttag 717

<210> 63
<211> 1380
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 63

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaagggtg ccagtgtcag 60
gagcagctgg aggagtcagg gggagacctg gtcaagcctg ggggatccct gacactcacc 120
tgcaaagcct ctggattctc cttcagtaat acctactggg catgctgggt ccgccaggct 180

ccagggaagg ggctggagtg gatcgcatgc atgaatcctg ctagtagtgg tagctcttac 240
tacgcgagct gggcgaaagg ccgattcacc atctcaaaa cctcgtcgac caccgtgact 300
ctgcacatgc ccagtctgac agccgcggac acggccacct atttctgtgc gaaatgggat 360
actgctttcg atgtgtgggg ccagggcacc ctggtcaccg tctcctcagg gcaacctaag 420
gtccatcag tcttcccact ggccccctgc tgcggggaca caccagctc caccgtgacc 480
ctgggctgcc tgggtcaaagg ctacctcccg gagccagtga ccgtgacctg gaactcgggc 540
acctcacca atggggtacg caccttcccg tccgtccggc agtcctcagg cctctactcg 600

ctgagcagcg tggtagcgt gacctcaagc agccagcccg tcacctgcaa cgtggccac 660
ccagccacca acaccaaagt ggacaagacc gttgcgcct cgacatgcag caagcccatg 720
tgccacccc ctgaactccc ggggggaccg tctgtcttca tcttcccc aaacccaag 780
gacacctca tgatctcacg caccctcgag gtcacatgcg tgggtggtgga cgtgagccag 840
gatgaccccg aggtgcagtt cacatggtac ataaacaacg agcaggtgcg caccgcccgg 900
ccgcgctac gggagcagca gttcaacagc acgatccgcg tggtcagcac cctccccatc 960

gcgcaccagg actggctgag gggcaaggag ttcaagtga aagtcacaa caaggcactc 1020

ccggccccc tgcagaaaac catctccaaa gccagagggc agcccctgga gccgaaggtc 1080

tacacatgg gccctcccc ggaggagctg agcagcaggt cggtcagcct gacctgcatg 1140

atcaacggct tctacccttc cgacatctcg gtggagtggg agaagaacgg gaaggcagag 1200

gacaactaca agaccacgcc gaccgtgctg gacagcgacg gctcctactt cctctacagc 1260

aagctctcag tgcccacgag tgagtggcag cggggcgacg tcttcacctg ctccgtgatg 1320

cacgaggcct tgcacaacca ctacacgcag aagtcacatc cccgctctcc gggtaatag 1380

<210> 64

<211> 714

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 64

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggct cccaggtgcc 60

agatgtgccg atgttgtgat gaccagact ccatectccg tggaggcagc tgtgggaggc 120

acagtcacca tcaagtcca ggccagtcag agcattagta gctacttagc ctggtatcag 180

cagaaaccag ggcagcctcc caagctctg atctatgggt catccaatct ggagtctggg 240

gtcccatcgc ggttcaaagg cagtggatct gggacagagt acactctcac catcagcggc 300

gtgcagtgtg acgatgctgc cacttactac tgtcaaaact attatgctat tgatacttat 360

ggtcattgctt tcggcggagg gaccgaggtg gtgggtcaaag gtgatccagt tgcacctact 420

gtcctcatct tcccaccagc tgctgatcag gtggcaactg gaacagtcac catcgttgtt 480

gtggcgaata aatactttcc cgatgtcacc gtcacctggg aggtggatgg caccacccaa 540

acaactggca tgcagaacag taaaacaccg cagaattctg cagattgtac ctacaacctc 600

agcagcactc tgacactgac cagcacacag tacaacagcc acaaagagta cacctgcaag 660

gtgaccagg gcacgacctc agtcgtccag agcttcaata ggggtgactg ttag 714

<210> 65

<211> 1368

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 65

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag	60
gagcagctgg aggagtccgg gggagacctg gtcaagcctg gggcatccct gacactcacc	120
tgcacagcct ctggattctc ctttagtagc aactatcaca tctgctgggt cgcagggt	180
ccaggaaagg ggctggagtt gatcgcatgc atttatgttg gtgatggcag cacatactac	240
gcgagctggg cgaaaggccg attcaccatc tccaaatcct cgtcgaccac ggtagctctg	300
caaatgacca gtctgacagc cgcgacacg gccacctatt tctgtgggag aatgtttaac	360

ttgtggggcc caggcacctt ggtcacctgc tcctcagggc aacctaggc tccatcagtc	420
ttcccactgg cccctgctg cggggacaca cccagctcca cggtagacct gggctgcctg	480
gtcaaaggct acctcccgga gccagtgacc gtgacctgga actcgggcac cctcaccaat	540
ggggtagcga ccttcccgct cgtccggcag tcctcaggcc tctactcgtg gagcagcgtg	600
gtgagcgtga cctcaagcag ccagcccgct acctgcaacg tggcccaccc agccaccaac	660
accaaagtgg acaagacctg tgcgcctcgc acatgcagca agcccatgtg cccacccct	720
gaactcccg ggggaccgtc tgtcttcac tccccccaa aaccaagga caccctcatg	780

atctcacgca ccccgaggt cacatgcgtg gtggtggacg tgagccagga tgaccccgag	840
gtgcagttca catggtacat aaacaacgag caggtgcgca ccgcccggcc gccgctacgg	900
gagcagcagt tcaacagcac gatccgctg gtcagcacc tccccatcgc gcaccaggac	960
tggctgaggg gcaaggagtt caagtcaaa gtccacaaca aggcactccc ggccccatc	1020
gagaaaacca tctccaaagc cagagggcag cccctggagc cgaaggtcta caccatgggc	1080
cctccccggg aggagctgag cagcaggtcg gtcagcctga cctgcatgat caacggcttc	1140
tacccttcgc acatctcgtt ggagtgggag aagaacggga aggcagagga caactacaag	1200

accacgccga ccgtgctgga cagcgacggc tcctacttcc tctacagca gctctcagt	1260
cccacgagtg agtggcagcg gggcgacgtc ttacactgct ccgtgatgca cgaggccttg	1320
cacaaccact acacgcagaa gtccatctcc cgtctccgg gtaaatag	1368

<210> 66

<211> 708

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 66

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggct cccaggtgcc 60
atatgtgacc ctgtgctgac ccagactcca tcctccgtgt ctgcggctgt gggagtcaca 120

gtcaccatca actgccagtc cagtccgagt gtttatagta actacttata ctggtatcag 180
cagaaaccag ggcagcctcc caagctctc atctatctgg catctactct ggcactctggg 240
gtcccatcgc ggttcaaagg cagtggatct gggacacagt tcactctcac catcagcgac 300
gtgcagtgtg acgatgctgc cacttactac tgtgcaggca cttatagtgg taatatttgg 360
tctttcggcg gagggaccga ggtggtgggc aaagtgatc cagttgcacc tactgtcctc 420
atcttccac cagctgctga tcaggtggca actggaacag tcaccatcgt gtgtgtggcg 480
aataaatact ttcccgatgt caccgtcacc tgggaggtgg atggcaccac ccaaacaact 540

ggcatcgaga acagtaaac accgcagaat tctgcagatt gtacctaca cctcagcagc 600
actctgacac tgaccagcac acagtacaac agccacaaag agtacacctg caaggtgacc 660
cagggcacga cctcagtcgt ccagagcttc aatagggtg actgttag 708

<210> 67

<211> 1383

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 67

atggagactg ggctgcgctg gcttctctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag 60
cagcagctgg tggagtccgg gggaggcctg gtcaagcctg gggcatccct gacactcacc 120

tgcacagcct ctggattctc cttcagtagc ggctatcaca tgtgctgggt ccgccaggct 180
ccagggaagg ggctggagtg gatcgcatgc tttggtgttt atactggtac cactacctac 240
gcgagctggg cgaaaggtcg attcaccatc tccaaaacct cgtcgaccac ggtgactcta 300
caaatgacca gtctaacagt cgcggacacg gccacctatt tctgtgcgag aatcagtgtc 360
gaaaatggtg gggacttgtg gggcccaggc accctggtca cgtctctc agggcaacct 420
aaggctccat cagtcttccc actggcccc tgctgcgggg acacaccag ctccacggtg 480

accctgggct gcctgggtcaa aggtctacctic ccggagccag tgaccgtgac ctggaactcg 540

ggcaccctca ccaatggggt acgcacctic ccgtccgtcc ggagtcctc aggcctctac 600

tcgtgagca gcgtgggtgag cgtgacctca agcagccagc ccgtcacctg caacgtggcc 660

caccagcca ccaacaccaa agtggacaag accgttgcgc cctcgacatg cagcaagccc 720

atgtgcccac cccctgaact cccgggggga ccgtctgtct tcattctccc cccaaaaccc 780

aaggacccc tcattgatctc acgcaccccc gaggtcacat gcgtgggtgt ggacgtgagc 840

caggatgacc ccgaggtgca gttcacatgg tacataaaca acgagcaggt gcgcaccgcc 900

cggccgccgc tacgggagca gcagttcaac agcacgatcc gcgtgggtcag caccctcccc 960

atcgcgacc aggactggct gaggggcaag gagttcaagt gcaaagtcca caacaaggca 1020

ctcccgccc ccatcgagaa aaccatctcc aaagccagag ggagcccct ggagccgaag 1080

gtctacacca tgggcccctc ccgggaggag ctgagcagca ggtcgggtcag cctgacctgc 1140

atgatcaacg gcttctaccc ttccgacatc tcggtggagt gggaagaaga cgggaaggca 1200

gaggacaact acaagaccac gccgaccgtg ctggacagcg acggtccta ctctctctac 1260

agcaagctct cagtgcaccac gactgagtgg cagcggggcg acgtcttcac ctgctccgtg 1320

atgcacgagg ccttgacaaa ccaactacacg cagaagtcca tctcccgtc tccgggtaaa 1380

tag 1383

<210> 68

<211> 711

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 68

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggt cccaggtgcc 60

agatgtgatg ttgtgatgac ccagactcca gcctccgtgg aggcagctgt gggaggcaca 120

gtcaccatca agtgccagc cagtcagac attagcaact actttcttg gtatcagcag 180

aaaccagggc agcctccaa gctcctgac tacaggcgt ccaactctgc atctgggtc 240

ccatcgcggt tcagcggcag tggatctggg acagagtta ctctcaccat cagcgacctg 300

gagtgtgccg attctgccac ttactactgt cagtgcactt atggtagtag tagtactggt 360

tttggtttcg gcggaggac cgaggtggtg gtcaaagggt atccagttgc acctactgtc 420

cccatcttcc caccagctgc tgatcagggtg gcaactggaa cagtcacat cgtgtgtgtg 480
 gcgaataaat actttccga tgtcaccgtc acctgggagg tggatggcac cacccaaaca 540
 actggcatcg agaacagtaa aacaccgcag aattctgcag attgtaccta caacctcagc 600
 agcactctga cactgaccag cacacagtac aacagccaca aagagtacac ctgcaagggtg 660

 acccagggca cgacctcagt cgtccagagc ttcaataggg gtgactgtta g 711
 <210> 69
 <211> 1371
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"
 <400> 69
 atggagactg ggctgcgctg gcttctctg gtcgctgtgc tcaaagggtg ccagtgtcag 60
 tcgttggagg agtccggggg agacctgggtc aagcctgggg catccctgac actcacctgc 120
 atggcctctg gaatcgactt cagtagcggc tacggcatgt ggtgggtccg ccaggtcca 180
 gggaagggac tggagtatat cggatacatt gatactggtg atgataacac atactacgcg 240

 aactgggcga aaggccgatt caccatctcc aaaacctcgt cgaccacggt gactctgcaa 300
 atgaccagtc tgacagtgc ggacacggcc acctatttct gtgcgaaagg gggcgccata 360
 gacctctggg gccagggac cctcgtcacc gtctcttcag ggcaacctaa ggctccatca 420
 gtcttccac tggccccctg ctgcggggac acaccagct ccacgggtgac cctgggctgc 480
 ctggtcaaag gctacctccc ggagccagtg accgtgacct ggaactcggg caccctcacc 540
 aatggggtag gcaccttccc gtccgtccgg cagtcctcag gcctctactc gctgagcagc 600
 gtggtgagcg tgacctcaag cagccagccc gtcacctgca acgtggccca cccagccacc 660

 aacaccaaag tggacaagac cgttcgccc tcgacatgca gcaagccat gtgcccacc 720
 cctgaactcc cgggggggacc gtctgtcttc atcttcccc caaaacccaa ggacaccctc 780
 atgatctcac gcacccccga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca ggtgacccc 840
 gaggtgcagt tcacatggtg cataaacaac gagcaggtgc gcacgcccgc gccgccccta 900
 cgggagcagc agttcaacag cacgatccgc gtggtcagca ccctcccat cgcgcaccag 960
 gactggctga ggggcaagga gttcaagtgc aaagtccaca acaaggcact cccggccccc 1020
 atcgagaaaa ccatctccaa agccagaggg cagcccctgg agccgaaggt ctacaccatg 1080

ggccctcccc gggaggagct gagcagcagg tcggtcagcc tgacctgcat gatcaacggc 1140
 ttctaccctt ccgacatctc ggtggagtgg gagaagaacg ggaaggcaga ggacaactac 1200
 aagaccacgc cgaccgtgct ggacagcgac ggctcctact tcctctacag caagctctca 1260
 gtgcccacga gtgagtggca gcggggcgac gtcttcacct gctccgtgat gcacagggcc 1320
 ttgcacaacc actacacgca gaagtccatc tcccgctctc cgggtaaata g 1371

<210> 70

<211> 720

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 70

atggacacga gggccccac tcagctgctg ggactcctac tgctctggct cccaggtgcc 60
 agatgtgctg acatttgtat gaccagact ccagcctccg tggaggcagc tgtgggaggc 120
 acagtcacca tcaagtcca ggccagtcag agcattagta gttacttagc ctggtatcag 180
 cagaaaccag ggcagctcc caagctctg atctacaggg catccactct aaaatctggg 240
 gtcccatcgc ggttcaaagg cagtggatct gggacagagt acactctcac catcagcgac 300
 ctggagtgtg ccgatgctgc cacttattat tgcaagcgt attatcttag tagtagtacc 360
 agttatggta atactttcgg cggagggacc gaggtggtgg tcaaaggta tccagttgca 420

cctactgtcc tcactttccc accagctgct gatcaggtgg caactggaac agtcaccatc 480
 gtgtgtgtgg cgaataaata ctttcccgat gtcaccgtca cctgggaggt ggatggcacc 540
 acccaacaa ctggcatcga gaacagtaaa acaccgcaga attctgcaga ttgtacctac 600
 aacctcagca gactctgac actgaccagc acacagtaca acagccacaa agagtacacc 660
 tgcaaggta cccagggcac gacctcagtc gtccagagct tcaatagggg tgactgttag 720

<210> 71

<211> 1371

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 71

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag	60
tcgttggagg agtccggggg agacctgggtc aagcctgggg cgtccctgac actcacctgc	120
acagcctctg gattctccct cagtagcggg tatggcatgt gctgggtccg ccaggctcca	180
gggaaggggac tggagtggat cggatacact gatactgcta ctggtacat tctactacgcg	240
agctgggcga aaggccgatt caccatctcc aaaacctcgt cgaccacggt gactctgcaa	300
atgaccagtc tgacagccgc ggacacggcc acctatttct gtgcgaaagg gggcgccatg	360
gacctctggg gcccagggac cctcgtcacc gtctcttcag ggcaacctaa ggctccatca	420
gtcttccac tggccccctg ctgcggggac acaccagct ccacggtgac cctgggctgc	480
ctggtcaaag gctacctccc ggagccagt accgtgacct ggaactcggg caccctcacc	540
aatgggttac gcaccttccc gtccgtccgg cagtctcag gcctctactc gctgagcagc	600
gtggtgagcg tgacctcaag cagccagccc gtcacctgca acgtggccca cccagccacc	660
aacaccaaag tggacaagac cgttgcgccc tcgacatgca gcaagcccat gtgccacccc	720
cctgaactcc cgggggggacc gtctgtcttc atcttccccc caaaacccaa ggacaccctc	780
atgatctcac gcacccccga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca ggatgacccc	840
gaggtgcagt tcacatggta cataaacaac gagcaggtgc gcaccgccg gccgccgcta	900
cgggagcagc agttcaacag cagcatccgc gtggtcagca cctccccat cgcgcaccag	960
gactggctga ggggcaagga gttcaagtgc aaagtccaca acaaggcact cccggccccc	1020
atcgagaaaa ccatctccaa agccagaggg cagcccctgg agccgaaggt ctacaccatg	1080
ggccctcccc gggaggagct gagcagcagg tcggtcagcc tgacctgcat gatcaacggc	1140
ttctaccctt ccgacatctc ggtggagtgg gagaagaacg ggaaggcaga ggacaactac	1200
aagaccacgc cgaccgtgct ggacagcgac ggctcctact tctctacag caagctctca	1260
gtgccacga gtgagtggca gcggggcgac gtcttcacct gctccgtgat gcacgaggcc	1320
ttgcacaacc actacacgca gaagtccttc tcccgtcttc cgggtaaata g	1371

<210> 72

<211> 720

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 72

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctac tgctctggct ccaggtgcc 60
 agatgtgctg acattgtgat gaccagact ccagcctccg tggaggcagc tgtgggaggc 120
 acagtcacca tcaagtgcc ggccagtcag agcattagta gctacttagc ctggtatcag 180

cagaaaccag ggcagcctcc caagctcctg atctacagga catccactct ggcatctggg 240
 gtcccatcgc ggttcaaagg cagtggatct gggacagagt acactctcac catcagcgac 300
 ctggagtgtg ccgatgctgc cacttactat tgtcaaagct atgcttatag tagtagtagc 360
 agttatggta atgctttcgg cggagggacc gaggtggtgg tcaaaggtga tccagttgca 420
 cctactgtcc tcactttccc accagctgct gatcaggtgg caactggaac agtcaccatc 480
 gtgtgtgtgg cgaataaata ctttcccgat gtcaccgtca cctgggaggt ggatggcacc 540
 acccaaaca ctggcatcga gaacagtaaa acaccgcaga attctgcaga ttgtacctac 600

aacctcagca gcactctgac actgaccagc acacagtaca acagccacaa agagtacacc 660
 tgcaaggtga cccagggcac gacctcagtc gtccagagct tcaatagggg tgactgttag 720

<210> 73
 <211> 1365
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"
 <400> 73

atggagactg ggcctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccaggtgcag 60
 tcgttggagg agtccggggg agacctgttc aagcctgggg catccctgac actcacctgc 120
 acaggctctg gaatcgactt cagtagcagc tactggatat gctgggtccg ccaggtcca 180

gggaaggggc tggagtggat cgcatgcac gatggtagtg atggtaacac ttactacgcg 240
 agctgggcga gaggcgatt caccatctcc aaaacctcgt cgaccacggt gactctgcaa 300
 atggccagtc tgacagccgc ggacacggcc acctatttct gtacgagaga tctcaggttg 360
 tggggcccg gcacctggt caccgtctcc tcagggaac ctaaggtcc atcagcttc 420
 ccaactggccc cctgctgcgg ggacacaccc agtccacgg tgacctggg ctgcctggtc 480
 aaaggtacc tcccggagcc agtgaccgtg acctggaact cgggcaccct caccaatggg 540
 gtacgcacct tcccgtccgt ccggcagtc tcaggcctct actcgtgag cagcgtggtg 600

agcgtgacct caagcagcca gcccgtcacc tgcaacgtgg cccaccagc caccaacacc 660

aaagtggaca agaccgttgc gccctcgaca tgcagcaagc ccatgtgccc accccctgaa 720
ctccccgggg gaccgtctgt cttcatcttc cccccaaaac ccaaggacac cctcatgac 780
tcacgcaccc ccgaggtcac atgcgtggtg gtggacgtga gccaggatga ccccaggtg 840
cagttcacat ggtacataaa caacgagcag gtgcgcaccg cccggccgcc gctacgggag 900
cagcagttca acagcacgat ccgctggtc agcaccctcc ccatcgcgca ccaggactgg 960
ctgaggggca aggagttcaa gtgcaaagtc cacaacaagg cactcccggc ccccatcgag 1020

aaaaccatct ccaaagccag agggcagccc ctggagccga aggtctacac catgggccct 1080
ccccgggagg agctgagcag caggtcggtc agcctgacct gcatgatcaa cggttctac 1140
ccttcgaca tctcgggtga gtgggagaag aacgggaagg cagaggacaa ctacaagacc 1200
acgccgaccg tgctggacag cgacggctcc tacttctct acagcaagct ctcagtcccc 1260
acgagtgagt ggcagcgggg cgacgtcttc acctgctccg tgatgcacga ggccttgac 1320
aaccactaca cgcagaagtc catctcccgc tctccgggta aatag 1365

<210> 74

<211> 723

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 74

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggct ccaggtgcc 60
agatgtgctg acattgtgct gaccagact ccagcctcgg tgtctgcagc tgtgggaggc 120
acagtcacca tcaactgccg ggccagtcag aatgtttata gtaacaatgc cttagcctgg 180
catcagcaga aaccaggcca gcgtcccaac ctctgatct acaaggcttc cactctggca 240
tctggggtec catcgcggtt caaaggcagt ggatctggga cacagtttac tctcaccatc 300
agcgacgtgc agtgtgacga tgctgccact tactactgtc taggcgaatt tagttgtagt 360

agtggtgatt gttttgtttt cggcggaggg accgaggtgg tggtaaagg tgatccagtt 420
gcacctactg tctcatctt cccaccagct gctgatcagg tggcaactgg aacagtcacc 480
atcgtgtgtg tggcgaataa atactttccc gatgtcaccg tcacctggga ggtggatggc 540
accacccaaa caactggcat cgagaacagt aaaacaccgc agaattctgc agattgtacc 600
tacaacctca gcagcactct gacactgacc agcacacagt acaacagcca caaagagtac 660
acctgcaagg tgaccaggg cagcactca gtcgtccaga gcttcaatag ggggtgactgt 720

tag 723

<210> 75

<211> 1371

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 75

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag	60
tcgttggagg agtccggggg agacctgggtc aagcctgggg catccctgac actcacctgc	120
atggcctctg gaatcgactt cagtagcggc tacggcatgt ggtgggtccg ccaggtcca	180
gggaagggac tggagtatat cggatacatt gatactggtg atgataacac atactacgcg	240
aactgggcga aaggccgatt caccatctcc aaaacctcgt cgaccacggt gactctgcaa	300
atgaccagtc tgacagtgcg ggacacggcc acctatttct gtgcgaaagg gggcgccata	360
gacctctggg gcccaggac cctcgtcacc gtctcttcag ggcaacctaa ggctccatca	420
gtcttccac tggccccctg ctgcggggac acaccagct ccacggtgac cctgggctgc	480
ctggtcaaag gtiacctccc ggagccagt accgtgacct ggaactcggg caccctcacc	540
aatgggttac gcaccttccc gtccgtccgg cagtctcag gcctctactc gctgagcagc	600
gtggtgagcg tgacctcaag cagccagccc gtcacctgca acgtggccca cccagccacc	660
aacaccaaag tggacaagac cgttgcgccc tcgacatgca gcaagcccat gtgcccacc	720
cctgaactcc cggggggacc gtctgtcttc atcttcccc caaaacccaa ggacaccctc	780
atgatctcac gcacccccga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca ggatgacccc	840
gaggtgcagt tcacatggta cataaacaac gagcaggtgc gcaccgccg gccgccgcta	900
cgggagcagc agttcaacag cacgatccgc gtggtcagca cctccccat cgcgcaccag	960
gactggctga ggggcaagga gttcaagtgc aaagtccaca acaaggcact cccggcccc	1020
atcgagaaaa ccatctcaa agccagaggg cagcccctgg agccgaaggt ctacaccatg	1080
ggccctcccc gggaggagct gagcagcagg tcggtcagcc tgacctgcat gatcaacggc	1140
ttctaccctt ccgacatctc ggtggagtgg gagaagaacg ggaaggcaga ggacaactac	1200
aagaccacgc cgacctgct ggacagcgac ggctcctact tcctctacag caagctctca	1260
gtgcccacga gtgagtggca gcggggcgac gtcttcacct gtcctgtgat gcacgaggcc	1320

ttgcacaacc actacacgca gaagtccttc tcccgtcttc cgggtaaata g 1371

<210> 76

<211> 720

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 76

atggacacga gggccccac tcagctgctg ggactcctac tgctctggct cccaggtgcc 60

agatgtgctg acattgtgat gaccagact ccagcctccg tggaggcagc tgtgggaggc 120

acagtcacca tcaagtcca ggccagtcag agcattagta gttacttagc ctggtatcag 180

cagaaaccag ggcagcgtcc caagctcctg atctacagg catccactct aaaatctggg 240

gtcccatcgc ggttcaaagg cagtggatct gggacagagt acactctcac catcagcgac 300

ctggagtgtg ccgatgctgc cacttattat tgcaagcgt attatcttag tagtagtata 360

agttatggta atactttcgg cggagggacc gaggtggtgg tcaaaggtga tccagttgca 420

cctactgtcc tcatttccc accagctgct gatcaggtgg caactggaac agtcaccatc 480

gtgtgtgtgg cgaataaata ctttccgat gtcaccgtca cctgggaggt ggatggcacc 540

acccaacaa ctggcatcga gaacagtaaa acaccgcaga attctgcaga ttgtacctac 600

aacctcagca gcaacttgac actgaccagc acacagtaca acagccacaa agagtacacc 660

tgcaaggtga cccagggcac gacctcagtc gtccagagct tcaatagggg tgactgttag 720

<210> 77

<211> 1416

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 77

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag 60

cagcagctgg aggagtccgg gggaggcctg gtcaagcctg gaggaaccct gacactcacc 120

tgcaaagcct ctggagtcgc cctcaatccc tactactata tgtgctgggt ccgccaggct 180

ccaggaagg ggctggagtg gatcgcatgc gtggatgctg atagtagtgg tagcacttac 240
 tacgcgagct gggcgaaagg ccgattcacc atctccaaaa cctcgtcgac cacggtgact 300
 ctgaaaatga ccagtctgac agcccgggac acggccacct atttctgtgc gagagaatcg 360
 gtgactata gtictgttgg tattggctat gtacatggta cggatggctt gtggggccca 420
 ggcacctgg tcaccgtctc ctcaggga cctaaggctc catcagtctt cccactggcc 480

ccctgctgcg gggacacacc cagctccacg gtgacctgg gctgcctggt caaaggctac 540
 ctcccgagc cagtgacctg gacctggaac tcgggcaccc tcaccaatgg ggtacgcacc 600
 ttcccgctcg tcggcgagtc ctcaggctc tactcgtga gcagcgtggt gagcgtgacc 660
 tcaagcagcc agcccgctac ctgcaacgtg gccacccag ccaccaacac caaagtggac 720
 aagaccgttg cgcctcgac atgcagcaag cccatgtgcc caccctga actccgggg 780
 ggaccgtctg tcttcattt cccccaaaa ccaaggaca cctcatgat ctacgcacc 840
 cccgaggta catgctggt ggtggacgtg agccaggatg acccgaggt gcagttcaca 900

tggtacataa acaacgagca ggtgcgacc gcccgccgc cgctacggga gcagcagttc 960
 aacagcacga tcgcgtggt cagcacctc cccatcggc accaggactg gctgaggggc 1020
 aaggagtcca agtgcaaagt ccacaacaag gcactcccg ccccatcga gaaaaccatc 1080
 tccaaagcca gagggcagcc cctggagccg aaggtctaca ccatgggccc tccccgggag 1140
 gagctgagca gcaggtcgt cagcctgacc tgcattgca acggtttcta ccttccgac 1200
 atctcggttg agtgggagaa gaacgggaag gcagaggaca actacaagac cagccgacc 1260
 gtgctggaca gcgacggctc ctactctc tacagcaagc tctcagtgc cagagttag 1320

tggcagcggg gcgacgtctt cacctgctcc gtgatgcac aggccttgca caaccactac 1380
 acgcagaagt ccatctccg ctctccgggt aaatag 1416

<210> 78
 <211> 720
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"
 <400> 78
 atggacacga gggccccac tcagctgctg gggtcctgc tgctctggt cccaggtgcc 60
 agatgtgccg acatcgtggt gaccagact ccatcctccg tgtctgcagc tgtgggaggc 120

acagtcacca tcaagtgccca ggccagtcag agcattagca actacttttc ttggtatcag 180

cagaaaccag ggcagcctcc caagtcctg atctacaggg cgtccactct ggcactctggg 240

gtcccatcgc ggttcaaagg cagtggatct gggacagagt tcactctcac catcagcgac 300

ctggagtgtg ccgatgctgc cacttactac tgtaaatgca cttacggtag aagtaatagt 360

aatttttttt atggttttcgg cggaggggacc gaggtggtgg tcaaaggtga tccagttgca 420

cctactgtcc tcactttccc accagctgct gatcaggtgg caactggaac agtcaccatc 480

gtgtgtgtgg cgaataaata ctttcccgat gtcaccgtca cctgggaggt ggatggcacc 540

acccaaacaa ctggcatcga gaacagtaaa acaccgcaga attctgcaga ttgtacctac 600

aacctcagca gcactctgac actgaccagc acacagtaca acagccacaa agagtacacc 660

tgcaaggtga cccagggcac gacctcagtc gtccagagct tcaatagggg tgactgttag 720

<210> 79

<211> 1395

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 79

atggagactg ggctgcgctg gcttctctg gtcgccgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag 60

tcgttggagg agtccggggg agacctggtc aagcctgggg cctccctgac actcacctgc 120

acagcctctg gatcctcctt cagtagtacc tactggaact gctgggtccg ccaggtcca 180

gggaaggggc tggagtggat cgcatgcatt aatgctggta gtggtaccac ttactacgcg 240

agctgggcga aaggccgatt caccgtctcc aaaacctcgt cgaccacggt gactctgcaa 300

atgaccagtc tgacagccgc ggacacggcc acctatttct gtacgagaga tagtgatggt 360

cgttttagta gtggctacta ttttaacttg tggggcccag gcacctggt caccgtctcc 420

tcagggcaac ctaaggctcc atcagtcttc cactggccc cctgctgcgg ggacacaccc 480

agctccacgg tgacctggg ctgcctggtc aaaggctacc tcccggagcc agtgaccgtg 540

acctggaact cgggcacctt caccaatggg gtacgcacct tcccgtccgt ccggcagttc 600

tcaggcctct actcgtgag cagcgtggtg agcgtgacct caagcagcca gcccgtcacc 660

tgcaacgtgg cccaccagc caccaacacc aaagtggaca agaccgttgc gccctcgaca 720

tcagcaagc ccatgtgccc acccctgaa ctcccggggg gaccgtctgt cttcatcttc 780

ccccaaaac ccaaggacac cctcatgac tcacgcaccc cagaggtcac atgcgtggtg 840
gtggacgtga gccaggatga ccccgaggtg cagttcacat ggtacataaa caacgagcag 900
gtgcgcaccg cccggccgcc gctacgggag cagcagttca acagcacgat ccgcgtggtc 960
agcacctcc ccatcgcgca ccaggactgg ctgaggggca aggagttcaa gtgcaaagtc 1020

cacaacaagg cactcccggc ccccatcgag aaaaccatct ccaaagccag agggcagccc 1080
ctggagccga aggtctacac catgggcctt ccccgaggag agctgagcag caggtcggtc 1140
agcctgacct gcatgatcaa cggcttctac ccttccgaca tctcggtgga gtgggagaag 1200
aacgggaagg cagaggacaa ctacaagacc acgccgaccg tgctggacag cgacggctcc 1260
tacttctct acagcaagct ctacgtgcc acgagtgagt ggacgcgggg cgacgtctt 1320
acctgtctcg tgatgcacga ggccttgac aaccactaca cgcagaagtc catctccgc 1380
tctccgggta aatag 1395

<210> 80

<211> 717

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 80

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggct ccaggtgcc 60
acatttgccc aagtgtgac ccagactgca tccctgtgt ctgcagctgt gggaggcaca 120
gtcaccatca attgtcagtc cagtcagagt gtttatgata acaactggtt agcctggtat 180
cagcaaaaac cagggcagcc tcccaaactc ttgatcgacg atgcatcaa attgacatct 240
ggggtctcat cgcggttcaa aggcagtgga tctgggacgc agttcactct caccatcagc 300

ggcgtgcagt gtgacgatgc tgccacttac tactgtcaag gcgcttatta tagtagtggt 360
tggtactggg ctttcggcgg agggaccgag gtggtggtca aaggatgatcc agttgcacct 420
actgtctca tcttccacc agctgctgat caggtggcaa ctggaacagt caccatcgtg 480
tgtgtggcga ataaatactt tcccgatgt accgtcacct gggaggtgga tggcaccacc 540
caaacaactg gcatcgagaa cagtaaaaca ccgcagaatt ctgcagattg tacctacaac 600
ctcagcagca ctctgacact gaccagcaca cagtacaaca gccacaaaga gtacacctgc 660
aaggtgaccc agggcacgac ctacgtcgtc cagagcttca ataggggtga ctgttag 717

<210> 81

<211> 1404

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 81

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag	60
cagcagctgg aggagtccgg gggaggcctg gtcaagcctg gaggaaccct gacactcacc	120
tgcaaagcct ctggaatcga cttcagtagc tactactaca tgtgttgggt ccgccaggct	180
ccaggaagg ggctggagtt gatcgtatgt atttatacta gtagtgggtg cacatggtac	240
gcgagctggg tgaatggccg actcaccatc tccagaagca ccagcctaaa cacggtggat	300
ctgaaaatga ccagtctgac agccgcggac acggccacct atttctgtgc cagaggggtt	360
tattctggta gtagtgatta tccaactcgg ttggatctct ggggccaggg caccctggtc	420
accgtctcct tagggcaacc taagctcca tcagtcttcc cactggcccc ctgctgcggg	480
gacacacca gctccacgtt gacctgggc tgctgtgca aaggtacct cccggagcca	540
gtgaccgtga cctggaactc gggcacctc accaatgggg tacgcacctt cccgtccgtc	600
cggcagtcct caggcctcta ctgctgagc agcgtgtga gcgtgacctc aagcagccag	660
cccgtcacct gcaacgtggc ccaccagcc accaacacca aagtggacaa gaccgttgcg	720
ccctcgacat gcagcaagcc catgtgccca cccctgaac tcccgggggg accgtctgtc	780
ttcatcttcc cccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cagcacccc cgaggtcaca	840
tgcgtggtgg tggacgtgag ccaggatgac cccgaggtgc agttcacatg gtacataaac	900
aacgagcagg tgcgcaccgc ccggccgccc ctacgggagc agcagttcaa cagcacgac	960
cgcgtggtea gcacctccc catcgcgcac caggactggc tgaggggcaa ggagttcaag	1020
tgcaaagtcc acaacaaggc actcccgcc cccatcgaga aaaccatctc caaagccaga	1080
gggcagcccc tggagccgaa ggtctacacc atgggccctc cccgggagga gctgagcagc	1140
aggtcggtca gcctgacctg catgatcaac ggcttctacc cttccgacat ctcggtggag	1200
tgggagaaga acgggaaggc agaggacaac tacaagacca cgccgaccgt gctggacagc	1260
gacggctcct acttctcta cagcaagctc tcagtgccca cgagtgagtg gcagcggggc	1320
gacgtcttca cctgctccgt gatgcacgag gccttgaca accactacac gcagaagtcc	1380
atctcccgt ctccgggtaa atag	1404

<210> 82
 <211> 711
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 82
 atggacacga gcacctccac tgcgtcctg gggctcctgc tgctctggct cacaggtgcc 60
 agatgtgcc a tcgagatgac ccagtcctca cctccctgt ctgcatctgt gggagaaact 120
 gtcaggatta ggtgcctggc cagtgaggac atttacagt gtatatcctg gtaccaacag 180
 aagccagaga aacctcctac actcctgac tctggtgcat ccaatttaga atctggggtc 240
 ccaccacggt tcagtggcgg tggatccggg acagattaca cctcaccat cggcggcgtg 300
 caggctgaag atgttgccac ctactactgt ctaggcgggt atagtctcag tagtaccggt 360
 ttgacttttg gagctggcac caaggtggaa atcaaactg atccagttgc gccttctgtc 420

 ctctcttcc caccatctaa ggaggagctg acaactggaa cagccaccat cgtgtgtgtg 480
 gcgaataaat actttccga tgtaaccgtc acctgggagg tggatggcac cacccaaaca 540
 actggcatcg agaacagtaa aacaccgag aattctgcag attgtaccta caacctcagc 600
 agcactctga cactgaccag cacacagtac aacagccaca aagagtacac ctgcaagggtg 660
 acccagggca cgacctcagt cgtccagagc ttcaataggg gtgactgtta g 711

<210> 83
 <211> 1383
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide"

<400> 83
 atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag 60
 caacatctgg tggagtccgg gggaggcctg gtcaagcctg gggcatccct gacactcacc 120
 tgcacagcct ctggattctc ctctactacc ggetatcaca tgtgtctgggt ccgccaggct 180
 ccagggaagg ggctggagtg gatcgcatgt ttggtgttt atactagtac cactacctac 240

gcgagctggg cgaaaggtcg attcaccatc tccaaaacct cgtcgaccac ggtgactcta 300
 caaatgacca gtctaacagt cgcggacacg gccacctatt tctgtgcgag aatcagtgt 360
 gaagatggtg gggacttgtg gggcccaggc accctggtca ccgtctctc agggaacct 420

aaggctccat cagtcttccc actggcccc tgctgcgggg acacaccag ctccacggtg 480
 accctgggct gcctggtcaa aggtctacct cgggagccag tgaccgtgac ctggaactcg 540
 ggcacctca ccaatggggt acgcaccttc ccgtccgtcc ggcagtcctc aggcctctac 600
 tcgtgagca gcgtggtgag cgtgacctca agcagccagc ccgtcacctg caacgtggcc 660
 caccagcca ccaacaccaa agtggacaag accgttgcgc cctcgacatg cagcaagccc 720
 atgtgccac cccctgaact cccgggggga ccgtctgtct tcatttccc cccaaaacc 780
 aaggacacc tcattgatctc acgcacccc gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc 840

caggatgacc ccgaggtgca gttcacatgg tacataaaca acgagcaggt gcgcaccgcc 900
 cggccgccgc tacgggagca gcagttcaac agcacgatcc gcgtggtcag caccctccc 960
 atcgcgcacc aggactggtc gaggggcaag gatttcaagt gcaaagtcca caacaaggca 1020
 ctccggccc ccatcgagaa aaccatctcc aaagccagag ggcagcccct ggagccgaag 1080
 gtctacacca tgggccctcc ccgggaggag ctgagcagca ggtcggtcag cctgacctgc 1140
 atgatcaacg gttctaccc ttccgacatc tcggtggagt gggagaagaa cgggaaggca 1200
 gaggacaact acaagaccac gccgaccgtg ctggacagcg acggtccta ctctcttac 1260

agcaagctct cagtccccac gagtgagtgg cagcggggcg acgtcttcac ctgtccgtg 1320
 atgcacgagg cttgcacaa ccactacacg cagaagtcca tctcccgtc tccgggtaaa 1380
 tag 1383

<210> 84
 <211> 711
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"
 <400> 84

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggtctctgc tgctctggct cccaggtgcc 60
 agatgtgatg ttgtgatgac ccagactcca gcctccgtgg aggcagctgt gggaggcaca 120

gtcaccatca cgtgccaggc cagtcagagc attagcaact acttttcttg gtatcagcag 180

aaaccagggc agcctcccaa gctcctgac tacagggcgt ccactctggc atctggggtc 240
 ccatcgcggt tcagcggcag tggatctggg acacagtcca ctctcaccat cagcgacctg 300
 gagtgtgccg attctgccac ttacgcctgt cagtgcactt atggtagtag tagtactggt 360
 ttgggtttcg gcggaggagc cgaggtgggt gtcaaagggt atccagttgc acctactgtc 420
 ctcatcttcc caccagctgc tgatcaggtg gcaactggaa cagtcacat cgtgtgtgtg 480
 gcgaataaat actttccga tgtcaccgtc acctgggagg tggatggcac cacccaaaca 540

 actggcatcg agaacagtaa aacaccgcag aattctgcag attgtaccta caacctcagc 600
 agcactctga cactgaccag cacacgtac aacagccaca aagagtagac ctgcaagggtg 660
 acccagggca cgacctcagt cgtccagagc ttcaataggg gtgactgtta g 711
 <210> 85
 <211> 1389
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"
 <400> 85
 atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaagggtt ccagtgtcag 60
 tcgttggagg agtccggggg agacctgggtc aagcctgggg catccctgac actcacctgc 120

 aaagcctctg gattctcctt cagtagttac ttctggatat gctgggtccg ccaggtcca 180
 gggaaggggc tggagtggag cgcatgcac tatggtgata gtagtggtag tagttactac 240
 gcgagctggg cgaaaggccg attcaccatc tccaaaacct cgtcgaccac ggtgactctg 300
 caaatgacca gtctgacagc cgcgacacg gccacctatt tctgtgcgag ttatggtagt 360
 agtagttatt actactctaa ttatggggc ccaggcacc tggtcaccgt ctctcaggg 420
 caacctaaag ctccatcagt ctcccaactg gccccctgct gcggggacac acccagctcc 480
 acggtgaccc tgggctgcct ggtcaaaggc tacctcccgg agccagtgc cgtgacctgg 540

 aactcgggca cctcaccaa tggggtagc accttcccgt ccgtccggca gtcctcaggc 600
 ctctactcgc tgagcagcgt ggtgagcgtg acctcaagca gccagcccgt cacctgcaac 660
 gtggcccacc cagccacca caccaaagtg gacaagaccg ttgcgcctc gacatgcagc 720
 aagcccatgt gccaccccc tgaactcccg gggggaccgt ctgtcttcat ctcccccca 780
 aaaccaagg acacctcat gatctcacgc acccccagg tcacatgcgt ggtgggtggac 840
 gtgagccagg atgacccga ggtgcagttc acatgttaca taaacaacga gcaggtgcgc 900

accgccccggc cgccgctacg ggagcagcag ttcaacagca cgatccgctg ggtcagcacc 960

ctccccatcg cgcaccagga ctggctgagg ggcaaggagt tcaagtgcaa agtcacaaac 1020

aaggcactcc cggcccccat cgagaaaacc atctccaaag ccagagggca gcccctggag 1080

ccgaaggctc acaccatggg ccctccccgg gaggagctga gcagcaggtc ggtcagcctg 1140

acctgatga tcaacggctt ctacccttcc gacatctcgg tggagtggga gaagaacggg 1200

aaggcagagg acaactacaa gaccacgccg accgtgctgg acagcgacgg ctctacttc 1260

ctctacagca agctctcagt gccacagagt gaggggcagc ggggcgacgt cttcacctgc 1320

tccgtgatgc acgaggcctt gcacaaccac tacacgcaga agtccatctc ccgtctccg 1380

ggtaaataag 1389

<210> 86

<211> 708

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 86

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggct ccaggtgcc 60

atatgtgacc ctgtgatgac ccagactcca tcttcacgt ctgcggctgt gggaggcaca 120

gtcaccatca gttgccagtc cagtcagagt gtttataata acaactactt agcctggtat 180

cagcagaaac cagggcagcc tcccaaacgc ctgatctacg aatcatcaa actggcatct 240

ggggtcccat cgcggttcag aggcagtgga tctggggcac agttcactct caccatcagc 300

gacctggagt gtgacgatgc tgccacttac tactgtctag gcgcatatta tactactctt 360

gatttcggcg gagggaccga ggtggtggtc agaggatgac cagttgcacc tactgtcctc 420

atcttccac cagctgctga tcaggtggca actggaacag tcaccatcgt gtgtgtggcg 480

aataaatact ttccgatgt caccgtcacc tgggaggtgg atggcaccac ccaacaact 540

ggcatcgaga acagtaaac accgcagaat tctgcagatt gtacctaaa cctcagcagc 600

actctgacac tgaccagcac acagtacaac agccacaaag agtacacctg caaggtagcc 660

cagggcacga cctcagtcgt ccagagcttc aataggggtg actgttag 708

<210> 87

<211> 1383

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 87

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag	60
gagcagttgg tggagtcggg gggaggcctg gtcagcctg agggatccct gacactcacc	120
tgcaaagcct ctggattcga cttcagtagc aatgcaatgt gctgggtccg ccaggtccca	180
gggaaggggc tggagtggat cgcatgcatt tataatggtg atggcagcac atactacgcg	240
agctgggtga atggccgatt caccatctcc aagacctcgt cgaccacggt gactctgcaa	300
atgaccagtc tgacagccgc ggacacggcc acctatttct gtgcgagagg tctctctaat	360
tggaataggg ataacttatg gggccctggc accctggta cctctctctc agggcaacct	420
aaggctccat cagtcttccc actggccccc tctgctgggg acacaccag ctccacggtg	480
accctgggct gcctggtaaa aggctacctc ccggagccag tgaccgtgac ctggaactcg	540
ggcaccctca ccaatggggt acgcaccttc ccgtccgtcc ggcagtcctc aggcctctac	600
tcgctgagca gcgtggtgag cgtgacctca agcagccagc ccgtcacctg caacgtggcc	660
caccagcca ccaacaccaa agtggacaag accgttgcgc cctcgacatg cagcaagccc	720
atgtgcccac cccctgaact cccgggggga ccgtctgtct tcatcttccc cccaaaaccc	780
aaggacacc tcattgatctc acgcaccccc gaggtcacat gcgtgggtgt ggacgtgagc	840
caggatgacc ccgaggtgca gttcacatgg tacataaaca acgagcaggt gcgcaccgcc	900
cggccgccgc tacgggagca gcagttcaac agcacgatcc gcgtggtcag caccctcccc	960
atcgcgacc aggactggct gaggggcaag gaggttcaagt gcaaagtcca caacaaggca	1020
ctcccgcccc ccatcgagaa aaccatctcc aaagccagag ggcagcccct ggagccgaag	1080
gtctacacca tgggcccctc ccgggaggag ctgagcagca ggtcgggtcag cctgacctgc	1140
atgatcaacg gcttctaccc ttccgacatc tcggtggagt gggagaagaa cgggaaggca	1200
gaggacaact acaagaccac gccgacctg ctggacagcg acggctccta ctctctctac	1260
agcaagctct cagtgcacc gagtgagtgg cagcggggcg acgtcttcac ctgctccgtg	1320
atgcacgagg ccttgacaaa ccactacacg cagaagtcca tctccgctc tccgggtaaa	1380
tag	1383

<210> 88

<211> 720

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 88

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggct cccaggtgcc	60
acatttgccc aagtgtgac ccagactcca tcctccgtgt ctgcagctgt gggaggcaca	120
gccaccatca actgccaggc cagtcagagt ctttatagtc ccaagaattt agcctggtat	180
cagcagacac cagggcagcc tccaagctc ctgatctatt ctgcatcgaa actggcatct	240
ggggtcccat cgcggttcaa aggcagtgga tctgggacac agttcactct caccatcagc	300
ggcgtgcagt gtgacgatgc tgcaatttac tactgtcaag gcgaatttag ttgtactact	360

gtgcttgtt ttgcttttgg cggagggacc gaggtggtgg tcaaaggtga tccagttgca	420
cctactgtcc tcactttccc accagctgct gatcaggtgg caactggaac agtcaccatc	480
gtgtgtgtgg cgaataaata ctttcccgat gtcaccgtca cctgggaggt ggatggcacc	540
acccaacaa ctggcatcga gaacagtaaa acaccgcaga attctgcaga ttgtacctac	600
aacctcagca gcaactgtac actgaccagc acacagtaca acagccacaa agagtacacc	660
tgcaaggtga cccagggcac gacctcagtc gtccagagct tcaatagggg tgactgttag	720

<210> 89

<211> 1386

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 89

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag	60
tctttggagg agtccggggg aggcttggtc cagcctgagg gatccctgac actcgctgc	120
acagcttcgg gattctcctt cagtagctac tactacatct gctgggtccg ccaggctcca	180
gggacggggc tggagtggat cggatgcatt aatactggtg gtgatgacac tcaactacgcg	240
agctggttga aaggccgatt caccttctcc aaggcctcgt cgaccacgtt gactctgcaa	300

atgaccagtc tgacagccgc ggacacggcc acctatttct gtgcgagatc atctggtagt 360

agtgatgatg cttatgatct ctggggccca ggcacctgg tcactgtctc ctcagggcaa 420

cctaaggctc catcagtcctt cccactggcc cctgtctgcg gggacacacc cagctccacg 480

gtgacctgg gctgcctggt caaaggctac ctcccggagc cagtgaccgt gacctggaac 540

tcgggacccc tcaccaatgg ggtacgcacc ttcccgctcg tccggcagtc ctcaggcctc 600

tactcgtga gcagcgtggt gagcgtgacc tcaagcagcc agcccgctcac ctgcaacgtg 660

gcccacccag ccaccaacac caaagtggac aagaccgttg cgccctcgac atgcagcaag 720

cccatgtgcc caccacctga actcccgggg ggaccgtctg tcttcattct cccccaaaa 780

cccaaggaca ccctcatgat ctacgcacc cccgaggtca catgcgtggt ggtggacgtg 840

agccaggatg accccgaggt gcagttcaca tggtagataa acaacgagca ggtgctgcacc 900

gcccggccgc cgtacggga gcagcagttc aacagcacga tccgctggt cagcacccctc 960

cccatcgcg accaggactg gctgaggggc aaggagtca agtgcaaagt ccacaacaag 1020

gcactcccg ccccatcga gaaaaccatc tccaaagcca gagggcagcc cctggagccg 1080

aaggtctaca ccatgggccc tccccgggag gagctgagca gcaggtcggt cagcctgacc 1140

tgcattatca acggcttcta ccttccgac atctcggtgg agtgggagaa gaacgggaag 1200

gcagaggaca actacaagac cagccgacc gtgctggaca ggcacggctc ctacttcctc 1260

tacagcaagc tctcagtgcc cagcagtgag tggcagcggg ggcacgtctt cacctgctcc 1320

gtgatgcacg aggccttgca caaccactac acgcagaagt ccatctccg ctctccgggt 1380

aaatag 1386

<210> 90

<211> 708

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 90

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggct cccaggtgcc 60

agatgtgatg ttgtgatgac ccagactcca gcctccgtgt ctgaacctgt gggaggcgca 120

gtcaccatca agtgccaggc cagtcagagc attggtagta atttagcctg gtatcagcac 180

aaaccagggc agcctcccaa gctcctgac tattttgcac ccagcctggc atctggggtc 240

tcgtcgcggt tcaagggcgg tagatctggg acacagtcca ctctacccat cagcgacctg 300
gagtgtgccg atgctgccac ttactactgt cactgtactt attatcctct tagttatgtt 360
actttcggcg gagggaccga ggtggtggtc aaaggatgac cagttgcacc tactgtcctc 420
atcttccac cagctgctga tcagggtggca actggaacag tcaccatcgt gtgtgtggcg 480

aataaatact ttcccgatgt caccgtcacc tgggaggtgg atggcaccac ccaaacaact 540
ggcatcgaga acagtaaac accgcagaat tctgcagatt gtacctaca cctcagcagc 600
actctgacac tgaccagcac acagtacaac agccacaaag agtacacctg caaggtagacc 660
cagggcacga cctcagtcgt ccagagcttc aataggggtg actgttag 708

<210> 91
<211> 1395
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 91
atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaagggtg ccagtgtcag 60

tcgttggagg agtccggggg agacctggtc aagcctggga catccctgac actctcctgc 120
acagcctctg gattctcctt cggtagctat tattatatgt gctgggtccg ccaggctcca 180
gggaaggggc tggagtggat cgcatgcatt gatgttgga gtagtggga cacatactac 240
gcgagctggg tgaatggcgg attcaccatc tccaaaacct cgtcgaccac ggtgactctg 300
caaatgacca gtctgacagc cgcggacacg gccacctatt tctgtgcgag agatgatact 360
gtcgtgtgtg gttttggtaa tttggaattg tggggcccag gcacctggt caccgtctcc 420
tcagggaac ctaaggctcc atcagttctc ccactggccc cctgctgcgg ggacacaccc 480

agctccacgg tgacctggg ctgcctggtc aaaggctacc tcccggagcc agtgaccgtg 540
acctggaact cgggcacct caccaatggg gtacgcacct tccgtccgt ccggcagtc 600
tcaggcctct actcgtgag cagcgtggtg agcgtgacct caagcagcca gccgtcacc 660
tgcaacgtgg cccaccagc caccaacacc aaagtggaca agaccgttg gccctcgaca 720
tgcagcaagc ccatgtgccc acccctgaa ctcccggggg gaccgtctgt cttcatcttc 780
ccccaaaac ccaaggacac cctcatgac tcacgcaccc ccgaggtcac atgcgtggtg 840
gtggacgtga gccaggatga ccccagggtg cagttcacat ggtacataaa caacgagcag 900

gtgcgcaccg cccggccgcc gctacgggag cagcagttca acagcacgat ccgcgtggtc 960
 agcaccctcc ccatcgcgca ccaggactgg ctgaggggca aggagttaa gtgcaaagtc 1020
 cacaacaagg cactcccgcc ccccatcgag aaaaccatct ccaaagccag agggcagccc 1080
 ctggagccga aggtctacac catgggccct ccccgaggagg agctgagcag caggtcggtc 1140
 agcctgacct gcatgatcaa cggtctctac ccttcgaca tctcgggtga gtgggagaag 1200
 aacgggaagg cagaggacaa ctacaagacc acgccgaccg tgctggacag cgacggctcc 1260
 tacttctct acagcaagct ctacgtgccc acgagtgagt ggcagcgggg cgacgtcttc 1320

acctgtccg tgatgcacga ggccttgac aaccactaca cgcagaagtc catctccgc 1380
 tctccgggta aatag 1395

<210> 92

<211> 717

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"

<400> 92

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggct ccaggtgcc 60
 agatgtgcat tcgaattgac ccagactcca tctcctgtgt ctgaacctgt gggaggcaca 120
 gtcacatca agtgccagge cagtcagagc atttacagct acttttctg gtatcagcag 180

aaaccagggc agcctccaa ggccttgatt taccaggcat ccactctggc ttctggggtc 240
 ccatcgcggt tcaaaggcag tggatctggg acagatttca ctctcaccat cagcgacctg 300
 gagtgtgccg atgtgccac ttactactgt caaaacaatt atggtagggg tagtggtagt 360
 tattttttt gtttcggcgg agggaccgag gtggtgtgca aaggtagatcc agttgcacct 420
 actgtcctca tcttcccacc agctgctgat caggtggcaa ctggaacagt caccatcgtg 480
 tgtgtggcga ataaatactt tcccgatgtc accgtcacct gggagggtgga tggcaccacc 540
 caaacaactg gcatcgagaa cagtaaaaca ccgcagaatt ctgcagattg tacctacaac 600

ctcagcagca ctctgacact gaccagcaca cagtacaaca gccacaaaga gtacacctgc 660
 aaggtgacct agggcacgac ctacgtcgtc cagagcttca ataggggtga ctgttag 717

<210> 93

<211> 1371

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 93

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag	60
tcgttggagg agtccggggg agacctgttc aagcctgggg catccctgac actcacctgc	120
aaagcctctg gaatcgactt cagtagcggc tacggcatgt ggtgggtccg ccaggtcca	180

gggaaggagc tggagtatat cggatacatt gatactggtg gtggtagcac ttactacgcg	240
aactgggcga aaggccgatt caccatctcc aaaacctcgt cgaccatggt gactctgcaa	300
atgaccagtc tgacagtgc ggacacggcc acctatttct gtgcgaaagg gggcgccata	360
gacctctggg gccagggac cctcgtcacc gtctcttcag ggcaacctaa ggctccatca	420
gtcttccac tggccccctg ctgcggggac acaccagct ccacggtgac cctgggctgc	480
ctggtcaaag gctacctccc ggagccagt accgtgacct ggaactcggg caccctcacc	540
aatggggtac gcaccttccc gtccgtccgg cagtcctcag gcctctactc gctgagcagc	600

gtggtgagcg tgacctcaag cagccagccc gtcacctgca acgtggccca cccagccacc	660
aacaccaaag tggacaagac cggttcgccc tcgacatgca gcaagcccat gtgccacccc	720
cctgaactcc cgggggggacc gtctgtcttc atcttcccc caaaacccaa ggacaccctc	780
atgatctcac gcacccccga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca ggatgacccc	840
gaggtgcagt tcacatggtg cataaacaac gagcaggtgc gcaccgccc gccgccccta	900
cgggagcagc agttcaacag cagcatccgc gtggtcagca cctcccat cgcgcaccag	960
gactggctga ggggcaagga gttcaagtgc aaagtccaca acaaggcact cccggccccc	1020

atcgagaaaa ccatctccaa agccagaggg cagcccctgg agccgaaggt ctacaccatg	1080
ggccctcccc gggaggagct gagcagcagg tcggtcagcc tgacctgcat gatcaacggc	1140
ttctaccctt ccgacatctc ggtggagtgg gagaagaacg ggaaggcaga ggacaactac	1200
aagaccagc cgaccgtgct ggacagcgac ggctcctact tcctctacag caagctctca	1260
gtgccacga gtgagtggca gcggggcgac gtcttcacct gctccgtgat gcacgagggc	1320
ttgcacaacc actacacgca gaagtcctc tcccgtctc cgggtaaata g	1371

<210> 94

<211> 720

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 94

atggacacga gggccccac tcagctgctg ggactcctac tgctctggct cccaggtgcc	60
agatgtgctg acatttgtat gaccagact ccagcctccg tggaggcagc tgtgggaggc	120
acagtcacca tcaagtcca ggccagtcag agcattagta gttacttagc ctggtatcag	180
cagaaaccag ggcagcgtcc caagctcctg atctacaggg catccactct ggcatctggg	240
gtcccatcgc gggtcaaagg cagtggatct gggacagact acactctcac catcagcgac	300
ctggagtgtg ccgatgctgc cacttattat tgcatacct attatcttag tagtagtata	360

agttatggta atactttcgg cggaggggacc gaggtgggtg tcaaagggtga tccagttgca	420
cctactgtcc tcatcttccc accagctgct gatcagggtg caactggaac agtcaccatc	480
gtgtgtgtgg cgaataaata ctttcccgat gtcaccgtca cctgggaggt ggatggcacc	540
acccaacaa ctggcatcga gaacagtaaa acaccgcaga attctgcaga ttgtacctac	600
aacctcagca gcaactctgac actgaccagc acacagtaca acagccacaa agagtacacc	660
tgcaagggtga ccaggggcac gacctcagtc gtccagagct tcaatagggg tgactgttag	720

<210> 95

<211> 1398

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 95

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaagggtg ccagtgctcag	60
gagcagctgg aggagtccgg gggagacctg gtcaagcctg agggatccct gacactcacc	120
tgcaaagcct ctggattctc cttcagtagc atctactgga tttgtctggg cgcagggt	180
ccagggaagg ggctggagtg gatcgcatgc actactgttg tcaaaagtgg tagaacttac	240
tacgcgaact gggcgaaagg ccgattcacc atctccaaaa cctcgtcgac cacgggtgact	300
ctgcaaatga ccagtctgac agccgcggac acggccacct atttctgtgc gagagaattt	360

gttgatggtg gtggtagtag tggtagggac ttgtggggcc caggcaccct ggtcaccgtc 420
 tcctcagggc aacctaggc tccatcagtc tccccactgg cccctgtctg cggggacaca 480
 cccagctcca cggtagccct gggctgcctg gtcaaaggct acctcccga gccagtgacc 540
 gtgacctgga actcgggcac cctaccaat ggggtacga cttcccgtc cgtccggcag 600
 tcctcaggcc tctactcgtg gaggcagctg gtgagcgtga cctcaagcag ccagcccgtc 660
 acctgcaacg tggccccccc agccaccaac accaaagtgg acaagaccgt tgcgcctcgt 720
 acatgcagca agcccatgtg cccaccccct gaactcccgg ggggaccgtc tgtcttcac 780

ttccccccaa aaccaagga caccctcatg atctcacga cccccgaggt cacatgcgtg 840
 gtggtggacg tgagccagga tgaccccgag gtgcagtta catggtacat aaacaacgag 900
 caggtgcgca cggcccgcc gccgtacgg gaggcagct tcaacagcac gatccgctg 960
 gtgagcacc tccccatcg gcaccaggac tggctgaggg gcaaggagtt caagtgcaaa 1020
 gtccacaaca aggcactccc ggcccccatc gagaaaacca tctccaaagc cagagggcag 1080
 cccctggagc cgaaggtcta caccatgggc cttcccggg aggagctgag cagcaggtcg 1140
 gtgagcctga cctgcatgat caacggcttc tacccttcg acatctcggt ggagtgggag 1200

aagaacggga aggagagga caactacaag accacgccga ccgtgctgga cagcgacggc 1260
 tcctacttcc tctacagca gctctcagtg cccacagtg agtggcagcg gggcgacgtc 1320
 ttacactgct ccgtgatga cgaggccttg cacaaccact acacgcagaa gtccatctcc 1380
 cgctctccgg gtaaatag 1398

<210> 96
 <211> 711
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polynucleotide"
 <400> 96

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggct cccaggtgcc 60

agatgtgcct atgatatgac ccagactcca gcctccgtgg aggagctgt gggaggcaca 120
 gtcacatca agtgccaggc cagtcagagc attagtaggg acttatcctg gtatcagcag 180
 aaactggac agcctccaa ggcctaatac tacaaggcat ccactctggc atctggggtc 240
 ccatcgcggt tcaaaggcag tggatctggg acagatttca ctctacat cagcgacctg 300
 gagtgtgccg atgctggcac ttactactgt caacagggtt atagtagtat tgatgtgat 360

aatgatttcg gcggaggagc cgaggtggtg gtcaaagggtg atccagttgc acctactgtc 420
ctcatcttcc caccagctgc tgatcaggtg gcaactggaa cagtcacat cgtgtgtgtg 480

gcgaataaat actttccga tgtcaccgtc acctgggagg tggatggcac cacccaaaca 540
actggcatcg agaacagtaa aacaccgcag aattctgcag attgtaccta caacctcagc 600
agcactctga cactgaccag cacacagtac aacagccaca aagagtacac ctgcaagggtg 660
accagggca cgacctcagt cgtccagagc ttcaataggg gtgactgtta g 711

<210> 97
<211> 1404
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 97

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaagggtg ccagtgtcag 60

gagcagctgg aggagtccgg gggaggcctg gtcaagcctg agggatccct gacactcacc 120
tgcaaagcct ctggattcga cctcagtagc ggctatgaca tgtgctgggt ccgccaggct 180
ccaggaagg ggctggagtg gatcgcatgc atttatgctg attatagtgg tagcacatac 240
tacgcgagct gggatgaatgg ccgattcacc atctccagca gcaccagcct aaacacggtg 300
gatctgaaaa tgaccagctt gacagccgcg gacacggcca cctatttctg tgccagaggg 360
gctactggta atggtggta tggatactac tttaacttgt gggggccagg caccctggtc 420
accgtctcct cagggaacc taaggtcca tcagtcttcc cactggcccc ctgctgcggg 480

gacacacca gctccacggt gacctgggc tgcttggtca aaggctacct cccggagcca 540
gtgaccgtga cctggaactc gggcaccctc accaatgggg tacgcacatt cccgtccgtc 600
cggcagctct caggcctcta ctgctgagc agcgtggtga gcgtgacctc aagcagccag 660
cccgtcacct gcaacgtggc ccaccagcc accaacacca aagtggaaa gaccgttgcg 720
ccctcgacat gcagcaagcc catgtgcca cccctgaac tcccgggggg accgtctgtc 780
ttcatcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cagcaccctc cgaggtcaca 840
tgcgtggtgg tggacgtgag ccagatgac cccgaggtgc agttcacatg gtacataaac 900

aacgagcagg tgcgcaccgc ccggccgccc ctacgggagc agcagttcaa cagcacgac 960
cgcggtgtca gcacctccc catcgccac caggactggc tgaggggcaa ggagttaag 1020

tgcaaagtcc acaacaaggc actcccggcc cccatcgaga aaaccatctc caaagccaga 1080
gggcagcccc tggagccgaa ggtctacacc atgggccttc cccgggagga gctgagcagc 1140
aggtcggtca gcctgacctg catgatcaac ggcttctacc cttccgacat ctcggtggag 1200
tgggagaaga acgggaaggc agaggacaac tacaagacca cgccgaccgt gctggacagc 1260
gacggctcct acttctcta cagcaagctc tcagtgccca cgagtgagtg gcagcggggc 1320

gacgtcttca cctgctccgt gatgcacgag gccttgcaca accactacac gcagaagtec 1380
atctcccgt ctccgggtaa atag 1404

<210> 98

<211> 717

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 98

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctac tgctctggct cccaggtgcc 60
agatgtgctg acattgtgat gaccagact ccagctccg tgtctgaacc tgtgggaggc 120
acagtcacca tcaagtgtca ggccagtcag aacattaata gcggcttagc ctggtatcag 180

cagaaaccag ggcagcctcc caagctctg atctacaagg catccactct ggcactctggg 240
gtctcatcgc ggttcaaagg cagtggatct gggacagaat tcactctcac catcagcgac 300
ctggagtgtg ccgatgtgc cacttactac tgctaaacct attattatag tagtagtagt 360
agtgataatg ctttcggcgg agggaccgag gtggtggtca aaggtgatcc agttgcacct 420
actgtcctca tcttcccacc agctgctgat cagggtggca ctggaacagt caccatcgtg 480
tgtgtggcga ataaatactt tcccgatgtc accgtcacct gggaggtgga tggcaccacc 540
caaacaactg gcatcgagaa cagtaaaaca ccgcagaatt ctgcagattg tacctacaac 600

ctcagcagca ctctgacact gaccagcaca cagtacaaca gccacaaaga gtacacctgc 660
aaggtgacct agggcacgac ctacgtcgtc cagagcttca atagggtga ctgttag 717

<210> 99

<211> 1389

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 99

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag	60
tcgttggagg agtccggggg agacctgggc aagcctgggg catccctgac actcacctgc	120
acagcttctg gattctcctt cagtagcagt tatggatat gctgggtccg ccaggtcca	180
gggaaggggc tggagtggat cgcatgtatt tatggtggtg gtagtggtaa cattgcctac	240
gcgagctggg cgaaaggccg attcaccatc tccaaaacct cgtcgaccac ggtgactcta	300
caaatgacca gtctgacagc cgcggacacg gccacctatt tctgtgcgag agatattcct	360
agtgatgctt tcaccttaga cttgtggggc ccaggcaccc tggtcaccgt ctctcaggg	420
caacctaagg ctccatcagt cttcccaactg gccccctgct gcggggacac acccagctcc	480
acggtgaccc tgggctgcct ggtcaaaggc tacctcccgg agccagtgc cgtgacctgg	540
aactcgggca cctcaccaa tggggtacgc accttcccgt ccgtccggca gtcctcaggc	600
ctctactcgc tgagcagcgt ggtgagcgtg acctcaagca gccagcccgt cacctgcaac	660
gtggcccacc cagccaccaa caccaaagtg gacaagaccg ttgcgccctc gacatgcagc	720
aagcccatgt gccaccccc tgaactcccg gggggaccgt ctgtcttcat cttccccca	780
aaaccaagg acacctcat gatctcacgc acccccaggc tcacatgcgt ggtgggtggac	840
gtgagccagg atgacccga ggtgcagttc acatggtaca taaacaacga gcaggcgcgc	900
accgcccggc cgcgcctacg ggagcagcag ttcaacagca cgatccgcgt ggtcagcacc	960
ctcccatcgc cgcaccagga ctggctgagg ggcaaggagt tcaagtgcaa agtcacaaac	1020
aaggcactcc cgcccccat cgagaaaacc atctccaaag ccagagggca gcccctggag	1080
ccgaaggctt acaccatggg ccctccccgg gaggagctga gcagcaggtc ggtcagcctg	1140
acctgcatga tcaacggctt ctacccttcc gacatctcgg tggagtggga gaagaacggg	1200
aaggcagagg acaactacaa gaccacgccg accgtgctgg acagcgacgg ctctacttc	1260
ctctacagca agctctcagt gcccacgagt gagtggcagc ggggcgacgt cttcacctgc	1320
tccgtgatgc acgaggcctt gcacaaccac tacacgcaga agtccatctc ccgtctccg	1380
ggtaaataag	1389

<210> 100

<211> 720

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 100

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggct cccaggtgcc	60
acatttgccc aagtgtgac ccagactcca tcctccgtgt ctgcagctgt gggaagcaca	120
gtcaccatca attgccaggc cagtgcaggt gtttataaag acaacaattt agcctggtat	180
cagcagaaac cagggcagcc tcccaagctc ctgatctaca aggccttcac tctggcatct	240
ggggtcccat cgcggttcaa aggcagtgga tctgggacac agttcactct caccatcagc	300

ggcgtgcagt gtgaagatgc tgccacttac tactgtcaag gcgaattcag ttgtggtagt	360
gctgattgta ttgctttcgg cggagggacc gaggtggtgg tcaaaggtga tccagttgca	420
cctactgtcc tcactttccc accagctgct gatcaggtgg caactggaac agtcaccatc	480
gtgtgtgtgg cgaataaata ctttcccgat gtcaccgtca cctgggaggt ggatggcacc	540
acccaaacaa ctggcatcga gaacagtaaa acaccgcaga attctgcaga ttgtacctac	600
aacctcagca gcactctgac actgaccagc acacagtaca acagccacaa agagtacacc	660
tgcaaggtga cccagggcac gacctcagtc gtccagagct tcaatagggg tgactgttag	720

<210> 101

<211> 1371

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<400> 101

atggagactg ggctgcgctg gcttctcctg gtcgctgtgc tcaaaggtgt ccagtgtcag	60
tcgttgagg agtccggggg agacctgggc aagcctgggg catccctgac actcacctgc	120
aaaggtctctg gaatcgactt cagtagcggc tacggcatgt ggtgggtccg ccaggctcca	180
gggaaggggac tggagtatat cggatacatt gatactggtt atggtagcac ttactacgcg	240
agctgggcga aaggccgatt caccatctcc aagacctcgt cgaccacggt gactctgcaa	300

atgaccagtc tgacagtgc ggacacggcc acctatttct gtgcgaaagg gggcgccata	360
gacctctggg gccagggac cctcgtcacc gtctcttcag ggcaacctaa ggctccatca	420
gtcttccac tggccccctg ctgcggggac acaccagct ccacggtgac cctgggctgc	480

ctggtcaaag gctacctccc ggagccagtg accgtgacct ggaactcggg caccctcacc 540
aatgggttac gcaccttccc gtccgtccgg cagtcctcag gcctctactc gctgagcagc 600
gtggtgagcg tgacctcaag cagccagccc gtcacctgca acgtggccca cccagccacc 660
aacaccaaag tggacaagac cggtgcgccc tcgacatgca gcaagcccat gtgcccaccc 720

ccatgaactcc cgggggggacc gtctgtcttc atcttccccc caaaacccaa ggacaccctc 780
atgatctcac gcacccccga ggtcacatgc gtggtggtgg acgtgagcca ggatgacccc 840
gaggtgcagt tcacatggta cataaacaac gagcaggtgc gcaccgcccg gccgccccta 900
cgggagcagc agttcaacag cacgatccgc gtggtcagca ccttcccat cgcgcaccag 960
gactggctga ggggcaagga gttcaagtgc aaagtccaca acaaggcact cccggccccc 1020
atcgagaaaa ccatctccaa agccagaggg cagcccctgg agccgaaggt ctacaccatg 1080
ggccctcccc gggaggagct gagcagcagg tcggtcagcc tgacctgcat gatcaacggc 1140

ttctaccctt ccgacatctc ggtggagtgg gagaagaacg ggaaggcaga ggacaactac 1200
aagaccagc cgaccgtgct ggacagcgac ggctcctact tcctctacag caagctctca 1260
tgccccaga gtgagtggca gcggggcgac gtcttcacct gctccgtgat gcacgagccc 1320
ttgcacaacc actacacgca gaagtcctc tcccgtctc cgggtaaata g 1371

<210> 102
<211> 717
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<400> 102

atggacacga gggccccac tcagctgctg gggctcctgc tgctctggct cccaggtgcc 60

acatttgag ccgtgctgac ccagactccg gcttcacgt ctgcagctgt gggaggcaca 120
gtcaccatca attgtcagtc cagtcagagc gtgtatcgta gcaactggtt agcctggat 180
cagcagaaac cagggcagcc tccaagctc ctgatctatg atgtatttaa ttggtcatct 240
ggggtcccat cccggttcaa gggcagtggg tctgggacac agttcactct caccatcagc 300
ggcgtgcagt gtcccgatgc tgccacttac tactgtcaag gcagttatta tagtggtaat 360
tggtacagt ctttcggcgg agggaccgag gtggtggtca aagtgatcc agttgcacct 420
actgtcctca tcttcccacc agctgctgat caggtggcaa ctggaacagt caccatcgtg 480

tgtgtggcga ataaatactt tcccgatgic accgtcacct gggaggtgga tggcaccacc 540
 caaacaactg gcatcgagaa cagtaaaaca cgcagaatt ctgcagattg tacctacaac 600
 ctgcagcaga ctctgacact gaccagcaca cagtacaaca gccacaaaga gtacacctgc 660
 aaggtgaccc agggcacgac ctcagtcgtc cagagcttca ataggggtga ctgttag 717

<210> 103

<211> 122

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 103

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

1	5	10	15
Ser	Val	Lys	Ile
Pro	Cys	Lys	Ala
Ser	Gly	Tyr	Thr
Phe	Pro	Asp	Tyr
20	25	30	
Asn	Met	Asp	Trp
Val	Lys	Gln	Ser
His	Gly	Lys	Ser
Leu	Glu	Trp	Ile
35	40	45	
Gly	Tyr	Ile	Asn
Pro	Asp	Asn	Gly
Gly	Thr	Ile	Tyr
Asn	Gln	Lys	Phe
50	55	60	
Lys	Gly	Lys	Ala
Thr	Leu	Thr	Val
Asp	Lys	Ser	Ser
Ser	Thr	Ala	Tyr

65	70	75	80
Met	Glu	Leu	Arg
Ser	Leu	Thr	Ser
Glu	Asp	Thr	Ala
Val	Tyr	Tyr	Cys
85	90	95	
Ala	Arg	Leu	Asp
Ser	Ser	Gly	Tyr
Gly	Tyr	Tyr	Ala
Met	Asp	Tyr	Trp
100	105	110	
Gly	Gln	Gly	Thr
Ser	Val	Thr	Val
Ser	Ser		
115	120		

<210> 104

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 104

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

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Asp Asn Tyr

20 25 30

Gly Ile Ser Phe Met His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Arg Ala Ser Asn Leu Asp Ser Glu Ile Pro Ala

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Arg Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp

65 70 75 80

Pro Val Glu Thr Asp Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr

85 90 95

Lys Asp Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 105

<211> 122

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 105

Lys Val Met Leu Val Glu Ser Gly Gly Ala Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Val Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Thr Pro Glu Lys Arg Leu Glu Trp Val

35 40 45

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

50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Arg Asn Thr Leu Phe
 65 70 75 80
 Leu Gln Met Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Met Phe Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Glu Asp Asp Tyr Gly Arg Tyr Ser Tyr Thr Met Asp Tyr Trp
 100 105 110
 Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
 115 120
 <210> 106
 <211> 112
 <212>
 PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"
 <400> 106
 Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly
 1 5 10 15
 Asp Gln Val Ser Ile Ser Cys Arg Cys Ser Gln Ser Leu Val His Ser
 20 25 30
 Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
 35 40 45

 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Lys Ile Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser
 85 90 95
 Thr His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Glu Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 107

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 107

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

1 5 10 15

Ser Val Arg Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Cys Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Tyr Pro Gly Thr Asp Asn Thr Tyr Tyr Ser Lys Lys Phe

50 55 60

Arg Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Asp Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Asp Tyr Tyr Arg Gly Tyr Phe Asp Val Trp Gly Ala Gly

100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 108

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 108

Asp Val Val Met Thr Gln Thr Ser Leu Thr Leu Ser Val Thr Ile Gly

1 5 10 15
 Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser
 20 25 30
 Asn Gly Lys Thr Tyr Leu Asn Trp Leu Leu Gln Arg Pro Gly Gln Ser

 35 40 45
 Pro Lys Phe Leu Ile Tyr Leu Val Ser Lys Leu Glu Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Ser
 85 90 95
 Thr His Phe Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110
 <210> 109
 <211> 119
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 109
 Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Lys Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
 20 25 30
 Tyr Met His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

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

85 90 95
Ala Thr Asn Tyr Tyr Gly Tyr Arg Ala Met Asn Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110
Ser Ser Val Thr Val Ser Ser

115
<210> 110
<211> 107
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 110
Asp Ile His Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15
Glu Arg Ile Ser Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Tyr Ile Ser
20 25 30

Leu Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Gly Thr Ser Ser Leu Asp Ser Gly Val Pro Lys Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Arg Ser Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Ser Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 111
<211> 121
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 111

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

1 5 10 15

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

20 25 30

Tyr Met His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Tyr Pro Gly Ser Gly Asn Pro Tyr Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Ser Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Thr Ser Tyr Gly Arg Val Gly Thr Gly Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala

115 120

<210> 112

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 112

Asn Phe Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45
Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro
50 55 60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Asn Arg Val Glu Thr Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Phe Cys Ser Gln Ser
85 90 95
Ser His Val Pro Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys
100 105 110

<210> 113

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 113

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Ala Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Asn Asn Gly Tyr Thr Glu Tyr Asn Gln Arg Phe
50 55 60

Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Arg Ser Ser Thr Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ser Asp Ile Ile Thr Thr Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110

Leu Thr Val Ser Ser

115

<210> 114

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 114

Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly

1 5 10 15
Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val Tyr Ser

20 25 30
Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45
Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60
Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser

85 90 95
Thr His Val Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 115

<211> 116

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 115

Gln Val Gln Leu Gln Gln Pro Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Thr

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

65 70 75 80
 Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Asp Val Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val
 100 105 110
 Thr Val Ser Ser

115

<210> 116

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 116

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

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Arg Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn

65 70 75 80
 Pro Val Glu Ala Asp Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Asn
 85 90 95
 Glu Asp Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 117

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 117

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

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Ser Ser
 65 70 75 80
 Val Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Gly Ile Tyr
 85 90 95
 Tyr Cys Thr Leu Val Ala Pro Asp Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
 100 105 110
 Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
 115

<210> 118

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 118

Asp Ile Val Met Ser Leu Ser Pro Ser Ser Leu Ala Val Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser

20 25 30

Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Ala Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Lys Ala Glu Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Tyr Ser Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 119

<211> 116

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 119

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

1 5 10 15

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

20 25 30
Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45
Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Glu Thr Trp Leu Asn Gln Lys Phe

50 55 60
Lys Asp Lys Ala Thr Leu Asn Val Asp Lys Ser Ser Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80
Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Arg Tyr Asp Gly Tyr Tyr Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu

100 105 110
Thr Val Ser Ser

115

<210> 120

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 120

Asn Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Asp Ser Tyr
20 25 30

Gly Asn Ser Phe Met His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Arg Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp
65 70 75 80

Pro Val Glu Ala Asp Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Asn Asn

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 121

<211> 118

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 121

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Pro Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Thr His Tyr Asn Gln Met Phe

50 55 60

Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Gln Ile Tyr Tyr Ala Tyr Asp Lys Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ala

115

<210> 122

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 122

Asp Ile Val Met Ser Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ala Val Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser

20 25 30

Ser His Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

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

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Lys Ala Glu Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Glu

85 90 95

Tyr Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 123

<211> 118

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 123

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

1 5 10 15

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

20 25 30

Tyr Met Asn Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile

35 40 45

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

50 55 60
Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Pro Leu Gly Arg Lys Glu Gly Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110
Leu Val Thr Val Ser Ala

115

<210> 124

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 124

Asp Thr Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Val Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Lys Ser Val Ser Thr Ser
20 25 30

Gly Tyr Ser Tyr Met His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Asn Leu Glu Ser Gly Val Pro Ala
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Ala Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80

Pro Val Glu Glu Glu Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln His Ser Arg
85 90 95

Glu Leu Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 125

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 125

Gln Val Thr Leu Lys Glu Ser Gly Pro Gly Ile Leu Gln Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ser Phe Ser Gly Phe Ser Leu Ser Thr Phe

20 25 30

Ala Met Gly Val Gly Trp Ile Arg Gln Pro Ser Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Leu Ala His Ile Trp Trp Asp Asp Asp Lys Tyr Tyr Asn Pro Ala

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Leu Thr Ile Ser Lys Asp Thr Ser Lys Asn His Val

65 70 75 80

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

85 90 95

Cys Ala Arg Met Pro Leu Thr Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser

115

<210> 126

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 126

Asp Val Leu Leu Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly

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

65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly
 85 90 95
 Ser His Val Pro Phe Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
 100 105 110

<210> 127

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 127

Gln Val Thr Leu Lys Glu Ser Gly Pro Gly Ile Leu Gln Pro Ser Gln

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

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

85 90 95
Cys Ala Arg Met Pro Leu Thr Phe Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser

115

<210> 128

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 128

Asp Val Leu Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Thr Arg Phe Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly

85 90 95

Ser His Val Pro Phe Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 129

<211> 115

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 129

Gln Val Gln Leu Gln Gln Pro Gly Ala Glu Leu Val Met Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Thr Arg Gln Gly Ser Thr Tyr Ala Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser

115

<210> 130

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223

> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 130

Asp Ile Val Met Thr Gln Ala Ala Phe Ser Asn Pro Val Thr Leu Gly

1 5 10 15

Thr Ser Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser

20 25 30

Asn Gly Ile Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45
Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Gln Met Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60
Asp Arg Phe Ser Ser Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Ala Gln Asn
85 90 95
Leu Glu Leu Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 131

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 131

Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
20 25 30
Tyr Met Met Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Asp Ile Asn Pro Tyr Asn Gly Gly Ser Ser Tyr Asn Pro Lys Phe
50 55 60
Lys Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Gln Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Gly Thr Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala
100 105 110

<210> 132

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 132

Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Thr Leu Ser Val Thr Ile Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asp Ser

20 25 30

Ala Gly Lys Thr Tyr Leu Asn Trp Leu Leu Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Lys Arg Leu Met Tyr Leu Val Ser Lys Leu Asp Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Trp Gln Gly

85 90 95

Thr His Phe Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 133

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 133

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

1 5 10 15

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

20 25 30
Trp Met His Trp Ile Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Gly Ser Asn Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60
Lys Ser Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr His Cys
85 90 95
Lys Ser Arg Gly Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
100 105 110

<210> 134

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 134

Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Thr Leu Ser Val Thr Ile Gly
1 5 10 15
Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asp Ser
20 25 30
Tyr Gly Lys Thr Tyr Leu Asn Trp Leu Leu Gln Arg Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Leu Val Ser Lys Leu Asp Ser Gly Val Pro
50 55 60
Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Trp Gln Gly
85 90 95
Thr His Phe Pro His Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 135

<211> 118

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 135

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

1 5 10 15

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

20 25 30

Gly Ile Ser Trp Val Lys Gln Arg Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Phe Pro Arg Ser Ser Asn Thr Tyr Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Phe Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Glu Gly Gly Leu Ala Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ala

115

<210> 136

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 136

Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Thr Leu Ser Val Thr Ile Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Asn Trp Leu Leu Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Leu Val Ser Lys Leu Asp Ser Gly Ile Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Gln Ser

85 90 95

Thr His Phe Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 137

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 137

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Ile Thr Asp Tyr

20 25 30

Tyr Met Met Trp Leu Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80
 Leu Gln Leu His Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Gly Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser

 100 105 110

<210> 138

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 138

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

 35 40 45
 Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Leu Val Ser Lys Leu Asp Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Trp Gln Gly
 85 90 95
 Thr His Phe Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

 100 105 110

<210> 139

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 139

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Ile Thr Asp Tyr

20 25 30

Tyr Met Met Trp Leu Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Gln Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser

100 105 110

<210> 140

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 140

Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Thr Leu Ser Val Thr Ile Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asp Ser

20 25 30

Asp Gly Lys Thr Tyr Leu Asn Trp Leu Leu Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Leu Val Ser Lys Leu Asp Ser Gly Val Pro

50 55 60
 Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Trp Gln Gly
 85 90 95
 Thr His Phe Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110
 <210> 141
 <211> 112
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 141
 Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
 20 25 30
 Tyr Met Asn Trp Val Lys Gln Ser His Gly Arg Ser Leu Glu Leu Ile

35 40 45
 Gly Asp Ile Asn Pro Asn Asn Gly Gly Ser Asn Phe Asn Gln Lys Phe
 50 55 60
 Arg Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Glu Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Met Gly Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala

100 105 110
 <210> 142
 <211> 112
 <212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 142

Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Thr Leu Ser Val Thr Ile Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser

20 25 30

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

35 40 45

Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Leu Val Ser Lys Leu Asp Ser Gly Val Pro

50 55 60

Tyr Arg Phe Thr Gly Gly Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Gln Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Thr Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Trp Gln Gly

85 90 95

Thr His Phe Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 143

<211> 114

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 143

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Tyr Ile

35 40 45
 Gly Glu Ile Tyr Pro Gly Ser Gly Asn Thr Tyr Tyr Asn Gly Lys Phe
 50 55 60
 Arg Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
 65 70 75 80
 Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
 85 90 95
 Gly Ser Gly Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val

100 105 110
 Ser Ser

<210> 144

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 144

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

Asn Gly Lys Thr Tyr Leu Asn Trp Leu Leu Gln Ser Pro Gly Gln Ser
 35 40 45
 Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Leu Val Ser Lys Leu Glu Ser Gly Val Pro
 50 55 60
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Leu
 65 70 75 80
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Val Gln Gly
 85 90 95

Thr His Phe Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 145

<211> 139

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 145

Met Asp Trp Leu Trp Asn Leu Leu Phe Leu Met Val Val Ala Gln Ser

1 5 10 15

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

20 25 30

Pro Gly Glu Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe

35 40 45

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

50 55 60

Lys Trp Met Gly Trp Ile Asn Thr Gln Thr Gly Lys Pro Thr Tyr Ala

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

Tyr Phe Cys Thr Arg Leu Gly Thr Gly Asn Thr Lys Gly Phe Ala Tyr

115 120 125

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

130 135

<210> 146

<211> 133

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 146

Met Glu Ser Gln Thr His Val Leu Ile Ser Leu Leu Leu Cys Val Ser
 1 5 10 15
 Gly Thr Cys Gly Asp Ile Leu Ile Asn Gln Ser Pro Ala Ser Leu Thr
 20 25 30
 Val Ser Ala Gly Glu Arg Val Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser
 35 40 45
 Leu Leu Tyr Ser Glu Asn Asn Gln Asp Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
 50 55 60

Lys Pro Gly Gln Phe Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Arg
 65 70 75 80
 His Thr Gly Val Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
 85 90 95
 Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Asp Tyr
 100 105 110
 Tyr Cys Glu Gln Thr Tyr Arg Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Ser Gly Thr
 115 120 125

Lys Leu Glu Ile Lys
 130

<210> 147

<211> 138

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 147

Met Glu Leu Glu Leu Ser Leu Ile Phe Ile Phe Ser Leu Leu Lys Asp
 1 5 10 15
 Val Gln Cys Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Ser Leu Val Gln
 20 25 30

Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Val Ala Ser Gly Tyr Thr Phe

35 40 45

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

50 55 60

Glu Trp Ile Gly Glu Ile Asn Thr Asp Gly Arg Arg Thr Asn Tyr Ala

65 70 75 80

Pro Ser Ile Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser

85 90 95

Thr Leu Tyr Leu Gln Met Ser Asn Val Lys Ser Asp Asp Thr Ala Ile

100 105 110

Tyr Tyr Cys Thr Ile Leu Arg Val Tyr Pro His Tyr Phe Asp Tyr Trp

115 120 125

Gly Gln Gly Val Met Val Thr Val Ser Ser

130 135

<210> 148

<211> 132

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 148

Met Met Ser Pro Ala Gln Phe Leu Phe Leu Leu Met Leu Trp Ile Gln

1 5 10 15

Glu Ala Arg Gly Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Pro Ser Leu Ser

20 25 30

Val Ala Ile Gly Gln Ser Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser

35 40 45

Leu Val Tyr Ser Asp Gly Glu Thr Tyr Leu His Trp Phe Leu Gln Ser

50 55 60

Pro Gly Arg Ser Pro Lys Arg Leu Ile Tyr His Val Ser Asn Leu Gly

65					70					75					80
Ser	Gly	Val	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Thr	Gly	Ser	Leu	Thr	Asp	Phe
				85				90				95			
Thr	Leu	Arg	Ile	Ser	Arg	Val	Glu	Ala	Glu	Asp	Leu	Gly	Val	Tyr	Tyr
				100				105				110			
Cys	Ala	Gln	Thr	Thr	His	Phe	Pro	Pro	Thr	Phe	Gly	Ala	Gly	Thr	Lys
				115				120				125			
Leu	Glu	Leu	Lys												
				130											
<210> 149															

<211> 135

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 149

Met	Ala	Val	Leu	Val	Leu	Leu	Leu	Cys	Leu	Val	Thr	Phe	Pro	Ser	Cys
1				5					10					15	
Ala	Leu	Ser	Gln	Val	Gln	Leu	Lys	Glu	Ser	Gly	Pro	Gly	Leu	Val	Gln
				20					25					30	
Pro	Ser	Gln	Thr	Leu	Ser	Leu	Thr	Cys	Thr	Val	Ser	Gly	Phe	Ser	Leu
				35				40						45	

Thr	Ser	Asn	Ser	Val	Ser	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu
50				55				60							
Glu	Trp	Met	Gly	Ala	Ile	Trp	Ser	Gly	Gly	Ser	Thr	Asp	Tyr	Asn	Ser
65				70				75				80			
Ala	Leu	Lys	Ser	Arg	Leu	Ser	Ile	Ser	Arg	Asp	Thr	Ser	Lys	Ser	Gln
				85				90				95			
Val	Phe	Leu	Lys	Met	Asn	Ser	Leu	Gln	Thr	Glu	Asp	Thr	Ala	Ile	Tyr
100								105				110			
Phe	Cys	Thr	Arg	Ser	His	Trp	Glu	Pro	Phe	Asp	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly

115 120 125
Val Met Val Thr Val Ser Ser
130 135
<210> 150
<211> 133
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 150
Met Glu Ser Gln Thr Gln Ala Leu Ile Ser Leu Leu Leu Trp Val Tyr
1 5 10 15
Gly Thr Cys Gly Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Phe Ser Leu Ala
20 25 30
Val Ser Glu Gly Glu Met Val Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Gly
35 40 45
Leu Leu Ser Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
50 55 60
Arg Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Ala Ser Thr Arg
65 70 75 80
Gln Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ile Gly Gly Gly Ser Gly Thr Asp
85 90 95
Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asp Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Asp Tyr
100 105 110
Tyr Cys Leu Gln His Tyr Ser Tyr Pro Pro Thr Phe Gly Ser Gly Thr
115 120 125
Lys Leu Glu Ile Lys
130
<210> 151
<211> 135
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 151

Met Ala Val Leu Val Leu Leu Leu Cys Leu Val Thr Phe Pro Ser Cys

1 5 10 15

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

20 25 30

Pro Ser Gln Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Phe Ser Leu

35 40 45

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

50 55 60

Glu Trp Met Gly Ala Ile Trp Ser Asp Gly Ser Thr Asp Tyr Asn Ser

65 70 75 80

Thr Leu Lys Ser Arg Leu Ser Ile Ser Arg Asp Thr Ser Lys Ser Gln

85 90 95

Val Phe Leu Lys Met Ser Ser Leu Gln Thr Glu Asp Thr Ala Ile Tyr

100 105 110

Phe Cys Thr Arg Ser His Trp Glu Pro Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

115 120 125

Val Met Val Thr Val Ser Ser

130 135

<210> 152

<211> 133

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 152

Met Glu Ser Gln Thr Gln Ala Leu Ile Ser Leu Leu Leu Trp Val Tyr

1 5 10 15

Gly Thr Cys Gly Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Ala
20 25 30
Val Ser Glu Gly Glu Thr Val Thr Met Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
35 40 45
Leu Phe Ser Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
50 55 60
Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Ala Ser Thr Arg
65 70 75 80
Gln Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ile Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
85 90 95
Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asp Val Gln Thr Glu Asp Leu Ala Asp Tyr
100 105 110
Tyr Cys Leu Gln His Tyr Asn Tyr Pro Pro Thr Phe Gly Ser Gly Thr
115 120 125
Lys Leu Glu Ile Lys
130
<210> 153
<211> 134
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 153
Met Asp Leu Arg Leu Thr Tyr Val Phe Ile Val Ala Ile Leu Lys Gly
1 5 10 15
Val Leu Cys Glu Val Lys Leu Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln
20 25 30
Pro Gly Met Ser Val Lys Leu Ser Cys Ala Thr Ser Gly Phe Ile Phe
35 40 45
Ser Asp Tyr Trp Met Glu Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
50 55 60

Glu Trp Val Ala Glu Ile Arg Asn Lys Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr
65 70 75 80

Tyr Gly Lys Ser Met Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser
85 90 95

Lys Ser Ile Val Tyr Leu Gln Val Asn Ser Ile Arg Ser Glu Asp Thr
100 105 110

Ala Ile Tyr Tyr Cys Ala Pro Asn Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Val
115 120 125

Met Val Thr Val Ser Ser
130

<210> 154

<211> 131

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 154

Met Ser Pro Val Gln Ser Leu Phe Leu Leu Leu Leu Trp Ile Leu Gly
1 5 10 15

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

Thr Ile Gly Gln Ser Val Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu
35 40 45

Leu His Ser Thr Gly Asn Thr Tyr Leu Asn Trp Leu Leu Gln Arg Pro
50 55 60

Gly Gln Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Val Ser Arg Leu Glu Ser
65 70 75 80

Gly Val Pro Asn Arg Phe Ser Ala Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr
85 90 95

Leu Lys Ile Ser Gly Ile Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys

100 105 110

Val Gln Ser Ser His Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Thr Gly Thr Lys Leu

115 120 125

Glu Leu Lys

130

<210> 155

<211> 135

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 155

Met Asp Ile Arg Leu Ser Leu Val Phe Leu Val Leu Phe Met Lys Gly

1 5 10 15

Val Gln Cys Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln

20 25 30

Pro Gly Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Arg Phe Thr Phe

35 40 45

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

50 55 60

Glu Trp Val Ala Thr Ile Tyr His Asp Asp Ser Gly Ser Tyr Tyr Arg

65 70 75 80

Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asn Asn Ala Lys Ser

85 90 95

Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asp Ser Leu Arg Ser Glu Asp Met Ala Thr

100 105 110

Tyr Tyr Cys Ala Arg His Asn Asn Gly Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

115 120 125

Val Met Val Thr Val Ala Ser

130 135

<210> 156

<211> 131

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 156

Met Lys Trp Pro Val Arg Leu Leu Val Leu Phe Phe Trp Ile Pro Ala

1 5 10 15

Ser Gly Gly Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Val Ser Leu Pro Val

20 25 30

Arg Leu Gly Gly Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu

35 40 45

Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro

50 55 60

Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Asn Arg Val Ser Asn Arg Phe Ser

65 70 75 80

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

85 90 95

Leu Lys Ile Asn Arg Val Glu Pro Glu Asp Leu Gly Asp Tyr Tyr Cys

100 105 110

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

115 120 125

Glu Thr Lys

130

<210> 157

<211> 136

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 157

Met Asp Ile Arg Leu Ser Leu Gly Phe Leu Val Leu Phe Ile Lys Gly

1 5 10 15

Asp Gln Cys Ala Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln

20 25 30

Pro Gly Arg Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Arg Ile Thr Phe

35 40 45

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

50 55 60

Glu Trp Val Ala Thr Ile Ser Ser Asp Gly Gly Asp Thr Phe Tyr Arg

65 70 75 80

Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Ser

85 90 95

Thr Leu Tyr Leu Gln Met Val Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr

100 105 110

Tyr Tyr Cys Ser Thr Asp Arg Gly Ala Gln Phe Gly Tyr Trp Gly Gln

115 120 125

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

130 135

<210> 158

<211> 126

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 158

Met Ala Pro Val Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Ile Trp Leu Pro Ala

1 5 10 15

Met Arg Cys Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala

20 25 30

Ser Val Gly Asp Arg Val Ser Ile Asn Cys Lys Ala Ser Gln Asn Val

35 40 45
His Glu Asn Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Leu Gly Glu Ala Pro Lys
50 55 60
Arg Leu Ile Tyr Asn Thr Asn Asn Leu Gln Thr Gly Ile Pro Ser Arg

65 70 75 80
Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser
85 90 95
Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Phe Cys Leu Gln His Asn Ala
100 105 110
Phe Pro Tyr Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys
115 120 125

<210> 159

<211> 455

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 159

Met Glu Thr Gly Leu Arg Trp Leu Leu Leu Val Ala Val Phe Lys Gly
1 5 10 15
Val Gln Cys Gln Glu Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys
20 25 30
Pro Gly Ala Ser Leu Thr Leu Thr Cys Thr Ala Ser Gly Phe Ser Phe
35 40 45

Asn Lys Asn Tyr Trp Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly
50 55 60
Leu Glu Trp Ile Gly Cys Ile Tyr Asn Gly Asp Gly Asn Thr Tyr Tyr
65 70 75 80
Ala Ser Trp Val Asn Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser Thr
85 90 95
Thr Val Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Val Ala Asp Thr Ala Ile

100	105	110	
Tyr Phe Cys Ala Arg Leu Leu Asn Met Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val			
115	120	125	
Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala			
130	135	140	
Pro Cys Cys Gly Asp Thr Pro Ser Ser Thr Val Thr Leu Gly Cys Leu			
145	150	155	160
Val Lys Gly Tyr Leu Pro Glu Pro Val Thr Val Thr Trp Asn Ser Gly			
165	170	175	
Thr Leu Thr Asn Gly Val Arg Thr Phe Pro Ser Val Arg Gln Ser Ser			
180	185	190	
Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Ser Val Thr Ser Ser Ser Gln			
195	200	205	
Pro Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp			
210	215	220	
Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro Met Cys Pro Pro Pro			
225	230	235	240
Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro Lys			
245	250	255	
Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val			
260	265	270	
Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile Asn			
275	280	285	
Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu Arg Glu Gln Gln Phe			
290	295	300	
Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln Asp			
305	310	315	320
Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val His Asn Lys Ala Leu			
325	330	335	
Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro Leu			
340	345	350	

Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser Ser
355 360 365

Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
370 375 380

Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr Lys
385 390 395 400

Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr Ser
405 410 415

Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg Gly Asp Val Phe Thr
420 425 430

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
435 440 445

Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys
450 455

<210> 160

<211> 239

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 160

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15

Leu Pro Gly Ala Arg Cys Ala Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Ala

20 25 30

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

35 40 45

Ser Glu Ser Ile Gly Asn Ala Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu

85 90 95

Thr Ile Ser Gly Val Gln Cys Asp Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln

100 105 110

Ser Tyr Tyr Phe Thr Ser Val Ser Ser Tyr Gly Asn Ala Phe Gly Gly

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Cys Val Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu

165 170 175

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

180 185 190

Gln Asn Ser Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu

195 200 205

Thr Ser Thr Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr

210 215 220

Gln Gly Thr Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys

225 230 235

<210> 161

<211> 466

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 161

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

1 5 10 15

Val Gln Cys Gln Ser Leu Glu Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys Pro

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

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

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

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

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Asp

275 280 285

Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val Arg

290 295 300

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

305 310 315 320

Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly Lys

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

Thr Met Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser Leu

370 375 380

Thr Cys Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ser Val Glu Trp

385 390 395 400

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

405 410 415

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val Pro

420 425 430

Thr Ser Glu Trp Gln Arg Gly Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met His

435 440 445

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser Pro

450 455 460

Gly Lys

465

<210> 162

<211> 237

<212>

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 162

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Gln Thr Ile Tyr Ser Tyr Leu Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

50 55 60

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asp Leu Glu Cys Ala Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser

100 105 110

Tyr His Gly Thr Ala Ser Thr Glu Tyr Asn Thr Phe Gly Gly Gly Thr

115 120 125

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

130 135 140

Pro Pro Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile Val Cys

145 150 155 160

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

165 170 175

Gly Thr Thr Gln Thr Thr Gly Ile Glu Asn Ser Lys Thr Pro Gln Asn

180 185 190

Ser Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr Ser

195 200 205

Thr Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr Gln Gly

210 215 220

Thr Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys

225	230	235
<210>		
163		
<211> 466		
<212> PRT		
<213> Artificial Sequence		
<220><221> source		
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"		
<400> 163		
Met	Glu Thr Gly Leu Arg Trp Leu Leu Leu Val Ala Val Leu Lys Gly	
1	5	10
Val	Gln Cys Gln Gln Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys	
	20	25
Pro	Gly Ala Ala Leu Thr Phe Thr Cys Thr Ala Ser Gly Phe Ser Phe	
	35	40
Ser	Gly Asn Tyr Trp Ile Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly	
50	55	60
Leu	Glu Trp Ile Ala Cys Ile Gly Thr Ile Thr Ser Arg Thr Tyr Tyr	
65	70	75
Ala	Ser Trp Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser Thr	
	85	90
Thr	Val Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Thr	
	100	105
Tyr	Phe Cys Ala Arg Gly Ala Val Val Ser Ser Gly Asn Ala Pro Tyr	
	115	120
Tyr	Phe Thr Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly	
	130	140
Gln	Pro Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Cys Gly Asp	
145	150	155
Thr	Pro Ser Ser Thr Val Thr Leu Gly Cys Leu Val Lys Gly Tyr Leu	
	165	170
		175

Pro Glu Pro Val Thr Val Thr Trp Asn Ser Gly Thr Leu Thr Asn Gly
180 185 190

Val Arg Thr Phe Pro Ser Val Arg Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu
195 200 205

Ser Ser Val Val Ser Val Thr Ser Ser Ser Gln Pro Val Thr Cys Asn
210 215 220

Val Ala His Pro Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Lys Thr Val Ala Pro
225 230 235 240

Ser Thr Cys Ser Lys Pro Met Cys Pro Pro Pro Glu Leu Pro Gly Gly
245 250 255

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
260 265 270

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Asp
275 280 285

Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val Arg
290 295 300

Thr Ala Arg Pro Pro Leu Arg Glu Gln Gln Phe Asn Ser Thr Ile Arg
305 310 315 320

Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly Lys
325 330 335

Glu Phe Lys Cys Lys Val His Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
340 345 350

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro Leu Glu Pro Lys Val Tyr
355 360 365

Thr Met Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser Leu
370 375 380

Thr Cys Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ser Val Glu Trp
385 390 395 400

Glu Lys Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Thr Val
405 410 415

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val Pro

420 425 430

Thr Ser Glu Trp Gln Arg Gly Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met His

435 440 445

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser Pro

450 455 460

Gly Lys

465

<210> 164

<211> 236

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 164

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asp Leu Glu Cys Ala Asp Ala Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Ser

100 105 110

Tyr Tyr Gly Val Thr Phe Ser Gly Phe Ala Phe Gly Gly Gly Thr Glu

115 120 125

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

130

135

140

Pro Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile Val Cys Val

145

150

155

160

Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu Val Asp Gly

165

170

175

Thr Thr Gln Thr Thr Gly Ile Glu Asn Ser Lys Thr Pro Gln Asn Ser

180

185

190

Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr Ser Thr

195

200

205

Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr Gln Gly Thr

210

215

220

Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys

225

230

235

<210> 165

<211> 460

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 165

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

1

5

10

15

Val Gln Cys Gln Ser Leu Glu Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys Pro

20

25

30

Gly Ala Ser Leu Thr Leu Thr Cys Lys Ala Ser Gly Ile Asp Phe Asn

35

40

45

Asn Tyr Trp Ile Thr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu

50

55

60

Trp Ile Ala Cys Ile Tyr Val Gly Ile Thr Gly Arg Thr Trp Tyr Ala

65 70 75 80
 Asn Trp Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Ala Ser Ser Thr Val
 85 90 95
 Asp Leu Lys Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Thr Tyr Phe
 100 105 110
 Cys Ala Arg Asn Gly Asp Gly Gly Ile Tyr Ala Leu Asn Leu Trp Gly
 115 120 125
 Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro Lys Ala Pro Ser

 130 135 140
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Cys Gly Asp Thr Pro Ser Ser Thr Val
 145 150 155 160
 Thr Leu Gly Cys Leu Val Lys Gly Tyr Leu Pro Glu Pro Val Thr Val
 165 170 175
 Thr Trp Asn Ser Gly Thr Leu Thr Asn Gly Val Arg Thr Phe Pro Ser
 180 185 190
 Val Arg Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Ser Val

 195 200 205
 Thr Ser Ser Ser Gln Pro Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala Thr
 210 215 220
 Asn Thr Lys Val Asp Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro
 225 230 235 240
 Met Cys Pro Pro Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe
 245 250 255
 Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val

 260 265 270
 Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe
 275 280 285
 Thr Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu
 290 295 300
 Arg Glu Gln Gln Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro
 305 310 315 320

Ile Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val

325 330 335

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

340 345 350

Arg Gly Gln Pro Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg

355 360 365

Glu Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Tyr Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg

420 425 430

Gly Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His

435 440 445

Tyr Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys

450 455 460

<210> 166

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 166

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15

Leu Pro Gly Ala Thr Phe Ala Gln Val Leu Thr Gln Thr Ala Ser Ser

20 25 30

Val Ser Ala Ala Val Gly Gly Thr Val Thr Ile Ser Cys Gln Ser Ser

35 40 45
Gln Ser Val Tyr Asn Asn Asn Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
50 55 60
Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Arg Ala Ser Thr Leu Thr Ser
65 70 75 80
Gly Val Pro Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Phe Thr
85 90 95
Leu Thr Ile Ser Asp Leu Glu Cys Asp Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys

100 105 110
Ala Gly Gly Tyr Ser Gly Asn Ile Tyr Val Asn Asp Phe Gly Gly Gly
115 120 125
Thr Glu Val Val Val Lys Gly Asp Pro Val Ala Pro Thr Val Leu Ile
130 135 140
Phe Pro Pro Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile Val
145 150 155 160
Cys Val Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu Val

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

225 230 235
<210> 167
<211> 459
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 167

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

Cys Pro Pro Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro
 245 250 255
 Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr
 260 265 270
 Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr
 275 280 285
 Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu Arg
 290 295 300
 Glu Gln Gln Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro Ile
 305 310 315 320
 Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val His
 325 330 335
 Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Arg
 340 345 350
 Gly Gln Pro Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg Glu
 355 360 365
 Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly Phe
 370 375 380
 Tyr Pro Ser Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala Glu
 385 390 395 400
 Asp Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr
 405 410 415
 Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg Gly
 420 425 430
 Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr
 435 440 445
 Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys
 450 455
 <210> 168
 <211> 237
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 168

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15
Leu Pro Gly Ala Arg Cys Ala Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Ser

20 25 30
Ser Val Glu Ala Ala Val Gly Gly Thr Val Thr Ile Lys Cys Gln Ala

35 40 45
Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

50 55 60
Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Leu Glu Ser Gly

65 70 75 80
Val Pro Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Tyr Thr Leu

85 90 95
Thr Ile Ser Gly Val Gln Cys Asp Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln

100 105 110
Asn Tyr Tyr Ala Ile Asp Thr Tyr Gly His Ala Phe Gly Gly Gly Thr

115 120 125
Glu Val Val Val Lys Gly Asp Pro Val Ala Pro Thr Val Leu Ile Phe

130 135 140
Pro Pro Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile Val Cys

145 150 155 160
Val Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu Val Asp

165 170 175
Gly Thr Thr Gln Thr Thr Gly Ile Glu Asn Ser Lys Thr Pro Gln Asn

180 185 190
Ser Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr Ser

195 200 205
Thr Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr Gln Gly

210 215 220
 Thr Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys
 225 230 235
 <210> 169
 <211> 455
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"
 <400> 169
 Met Glu Thr Gly Leu Arg Trp Leu Leu Leu Val Ala Val Leu Lys Gly

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

 65 70 75 80
 Ala Ser Trp Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Ser Ser Ser Thr
 85 90 95
 Thr Val Ala Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Thr
 100 105 110
 Tyr Phe Cys Gly Arg Met Phe Asn Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val
 115 120 125
 Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala

 130 135 140
 Pro Cys Cys Gly Asp Thr Pro Ser Ser Thr Val Thr Leu Gly Cys Leu
 145 150 155 160
 Val Lys Gly Tyr Leu Pro Glu Pro Val Thr Val Thr Trp Asn Ser Gly

165 170 175
 Thr Leu Thr Asn Gly Val Arg Thr Phe Pro Ser Val Arg Gln Ser Ser
 180 185 190
 Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Ser Val Thr Ser Ser Ser Gln

 195 200 205
 Pro Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp
 210 215 220
 Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro Met Cys Pro Pro Pro
 225 230 235 240
 Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro Lys
 245 250 255
 Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val

 260 265 270
 Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile Asn
 275 280 285
 Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu Arg Glu Gln Gln Phe
 290 295 300
 Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln Asp
 305 310 315 320
 Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val His Asn Lys Ala Leu

 325 330 335
 Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro Leu
 340 345 350
 Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser Ser
 355 360 365
 Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
 370 375 380
 Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr Lys

 385 390 395 400
 Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr Ser
 405 410 415

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

<210> 170

<211> 235

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 170

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp
1 5 10 15
Leu Pro Gly Ala Ile Cys Asp Pro Val Leu Thr Gln Thr Pro Ser Ser
20 25 30
Val Ser Ala Ala Val Gly Val Thr Val Thr Ile Asn Cys Gln Ser Ser
35 40 45

Pro Ser Val Tyr Ser Asn Tyr Leu Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
50 55 60
Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Thr Leu Ala Ser Gly
65 70 75 80
Val Pro Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Phe Thr Leu
85 90 95
Thr Ile Ser Asp Val Gln Cys Asp Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Ala
100 105 110

Gly Thr Tyr Ser Gly Asn Ile Trp Ser Phe Gly Gly Gly Thr Glu Val
115 120 125
Val Val Lys Gly Asp Pro Val Ala Pro Thr Val Leu Ile Phe Pro Pro
130 135 140

Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile Val Cys Val Ala
 145 150 155 160
 Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu Val Asp Gly Thr
 165 170 175

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

<210> 171

<211> 460

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 171

Met Glu Thr Gly Leu Arg Trp Leu Leu Leu Val Ala Val Leu Lys Gly
 1 5 10 15
 Val Gln Cys Gln Gln Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys
 20 25 30
 Pro Gly Ala Ser Leu Thr Leu Thr Cys Thr Ala Ser Gly Phe Ser Phe
 35 40 45

Ser Ser Gly Tyr His Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly
 50 55 60
 Leu Glu Trp Ile Ala Cys Phe Gly Val Tyr Thr Gly Thr Thr Thr Tyr
 65 70 75 80
 Ala Ser Trp Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser Thr
 85 90 95

Thr Val Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Val Ala Asp Thr Ala Thr
100 105 110

Tyr Phe Cys Ala Arg Ile Ser Ala Glu Asn Gly Gly Asp Leu Trp Gly
115 120 125

Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro Lys Ala Pro Ser
130 135 140

Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Cys Gly Asp Thr Pro Ser Ser Thr Val
145 150 155 160

Thr Leu Gly Cys Leu Val Lys Gly Tyr Leu Pro Glu Pro Val Thr Val
165 170 175

Thr Trp Asn Ser Gly Thr Leu Thr Asn Gly Val Arg Thr Phe Pro Ser
180 185 190

Val Arg Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Ser Val
195 200 205

Thr Ser Ser Ser Gln Pro Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala Thr
210 215 220

Asn Thr Lys Val Asp Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro
225 230 235 240

Met Cys Pro Pro Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe
245 250 255

Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val
260 265 270

Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe
275 280 285

Thr Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu
290 295 300

Arg Glu Gln Gln Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro
305 310 315 320

Ile Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val
325 330 335

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

340 345 350
Arg Gly Gln Pro Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg
355 360 365

Glu Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly
370 375 380
Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala
385 390 395 400
Glu Asp Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser
405 410 415
Tyr Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg
420 425 430

Gly Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His
435 440 445
Tyr Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys
450 455 460

<210> 172

<211> 236

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 172

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp
1 5 10 15

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

Val Glu Ala Ala Val Gly Gly Thr Val Thr Ile Lys Cys Gln Ala Ser
35 40 45

Gln Ser Ile Ser Asn Tyr Phe Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
50 55 60

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

65					70				75				80			
Pro	Ser	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Glu	Phe	Thr	Leu	Thr	
				85				90				95				
Ile	Ser	Asp	Leu	Glu	Cys	Ala	Asp	Ser	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Cys	
				100				105				110				
Thr	Tyr	Gly	Ser	Ser	Ser	Thr	Gly	Phe	Gly	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Glu	
				115				120				125				
Val	Val	Val	Lys	Gly	Asp	Pro	Val	Ala	Pro	Thr	Val	Pro	Ile	Phe	Pro	
				130				135				140				
Pro	Ala	Ala	Asp	Gln	Val	Ala	Thr	Gly	Thr	Val	Thr	Ile	Val	Cys	Val	
145				150				155				160				
Ala	Asn	Lys	Tyr	Phe	Pro	Asp	Val	Thr	Val	Thr	Trp	Glu	Val	Asp	Gly	
				165				170				175				
Thr	Thr	Gln	Thr	Thr	Gly	Ile	Glu	Asn	Ser	Lys	Thr	Pro	Gln	Asn	Ser	
				180				185				190				
Ala	Asp	Cys	Thr	Tyr	Asn	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr	Leu	Thr	Ser	Thr	
				195				200				205				
Gln	Tyr	Asn	Ser	His	Lys	Glu	Tyr	Thr	Cys	Lys	Val	Thr	Gln	Gly	Thr	
210				215				220								
Thr	Ser	Val	Val	Gln	Ser	Phe	Asn	Arg	Gly	Asp	Cys					
225				230				235								
<210> 173																
<211> 456																
<212> PRT																
<213> Artificial Sequence																
<220><221> source																
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"																
<400> 173																
Met	Glu	Thr	Gly	Leu	Arg	Trp	Leu	Leu	Leu	Val	Ala	Val	Leu	Lys	Gly	
1				5				10				15				

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

260 265 270
 Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile
 275 280 285
 Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu Arg Glu Gln Gln
 290 295 300
 Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln
 305 310 315 320
 Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val His Asn Lys Ala
 325 330 335
 Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro
 340 345 350
 Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser
 355 360 365
 Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser
 370 375 380
 Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr
 385 390 395 400
 Lys Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr
 405 410 415
 Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg Gly Asp Val Phe
 420 425 430
 Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
 435 440 445
 Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys
 450 455
 <210> 174
 <211> 239
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 174

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15

Leu Pro Gly Ala Arg Cys Ala Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Ala

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

50 55 60

Gln Arg Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Arg Ala Ser Thr Leu Lys Ser Gly

65 70 75 80

Val Pro Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Tyr Thr Leu

85 90 95

Thr Ile Ser Asp Leu Glu Cys Ala Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln

100 105 110

Ala Tyr Tyr Leu Ser Ser Ser Ile Ser Tyr Gly Asn Thr Phe Gly Gly

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Cys Val Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu

165 170 175

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

180 185 190

Gln Asn Ser Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu

195 200 205

Thr Ser Thr Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr

210 215 220

Gln Gly Thr Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys

225

230

235

<210> 175

<211> 456

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 175

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

1 5 10 15

Val Gln Cys Gln Ser Leu Glu Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys Pro

20 25 30

Gly Ala Ser Leu Thr Leu Thr Cys Thr Ala Ser Gly Phe Ser Leu Ser

35 40 45

Ser Gly Tyr Gly Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu

50 55 60

Glu Trp Ile Gly Tyr Thr Asp Thr Ala Thr Gly Thr Ile His Tyr Ala

65 70 75 80

Ser Trp Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser Thr Thr

85 90 95

Val Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Thr Tyr

100 105 110

Phe Cys Ala Lys Gly Gly Ala Met Asp Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu

115 120 125

Val Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu

130 135 140

Ala Pro Cys Cys Gly Asp Thr Pro Ser Ser Thr Val Thr Leu Gly Cys

145 150 155 160

Leu Val Lys Gly Tyr Leu Pro Glu Pro Val Thr Val Thr Trp Asn Ser

165 170 175

Gly Thr Leu Thr Asn Gly Val Arg Thr Phe Pro Ser Val Arg Gln Ser
180 185 190

Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Ser Val Thr Ser Ser Ser
195 200 205

Gln Pro Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala Thr Asn Thr Lys Val
210 215 220

Asp Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro Met Cys Pro Pro
225 230 235 240

Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro
245 250 255

Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
260 265 270

Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile
275 280 285

Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu Arg Glu Gln Gln
290 295 300

Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln
305 310 315 320

Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val His Asn Lys Ala
325 330 335

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro
340 345 350

Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser
355 360 365

Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser
370 375 380

Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr
385 390 395 400

Lys Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr
405 410 415

Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg Gly Asp Val Phe

420 425 430
 Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
 435 440 445
 Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys
 450 455
 <210> 176
 <211> 239
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"
 <400> 176
 Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp
 1 5 10 15
 Leu Pro Gly Ala Arg Cys Ala Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Ala
 20 25 30
 Ser Val Glu Ala Ala Val Gly Gly Thr Val Thr Ile Lys Cys Gln Ala
 35 40 45
 Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
 50 55 60
 Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Arg Thr Ser Thr Leu Ala Ser Gly
 65 70 75 80
 Val Pro Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Tyr Thr Leu
 85 90 95
 Thr Ile Ser Asp Leu Glu Cys Ala Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
 100 105 110
 Ser Tyr Ala Tyr Ser Ser Ser Ser Ser Tyr Gly Asn Ala Phe Gly Gly
 115 120 125
 Gly Thr Glu Val Val Val Lys Gly Asp Pro Val Ala Pro Thr Val Leu
 130 135 140

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

Thr Ser Thr Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr
 210 215 220
 Gln Gly Thr Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys
 225 230 235

<210> 177

<211> 454

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 177

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

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

Ser Trp Ala Arg Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser Thr Thr
 85 90 95

Val Thr Leu Gln Met Ala Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Thr Tyr
100 105 110

Phe Cys Thr Arg Asp Leu Arg Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr
115 120 125

Val Ser Ser Gly Gln Pro Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro
130 135 140

Cys Cys Gly Asp Thr Pro Ser Ser Thr Val Thr Leu Gly Cys Leu Val
145 150 155 160

Lys Gly Tyr Leu Pro Glu Pro Val Thr Val Thr Trp Asn Ser Gly Thr
165 170 175

Leu Thr Asn Gly Val Arg Thr Phe Pro Ser Val Arg Gln Ser Ser Gly
180 185 190

Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Ser Val Thr Ser Ser Ser Gln Pro
195 200 205

Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Lys
210 215 220

Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro Met Cys Pro Pro Pro Glu
225 230 235 240

Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp
245 250 255

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp
260 265 270

Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile Asn Asn
275 280 285

Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu Arg Glu Gln Gln Phe Asn
290 295 300

Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln Asp Trp
305 310 315 320

Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val His Asn Lys Ala Leu Pro
325 330 335

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro Leu Glu

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

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

450

<210> 178

<211> 240

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 178

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp
 1 5 10 15
 Leu Pro Gly Ala Arg Cys Ala Asp Ile Val Leu Thr Gln Thr Pro Ala
 20 25 30
 Ser Val Ser Ala Ala Val Gly Gly Thr Val Thr Ile Asn Cys Gln Ala
 35 40 45

Ser Gln Asn Val Tyr Ser Asn Asn Ala Leu Ala Trp His Gln Gln Lys
 50 55 60
 Pro Gly Gln Arg Pro Asn Leu Leu Ile Tyr Lys Ala Ser Thr Leu Ala

65 70 75 80
 Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Phe
 85 90 95
 Thr Leu Thr Ile Ser Asp Val Gln Cys Asp Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr
 100 105 110

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

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

<210> 179

<211> 456

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 179

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

20 25 30
 Gly Ala Ser Leu Thr Leu Thr Cys Met Ala Ser Gly Ile Asp Phe Ser
 35 40 45

 Ser Gly Tyr Gly Met Trp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
 50 55 60
 Glu Tyr Ile Gly Tyr Ile Asp Thr Gly Asp Asp Asn Thr Tyr Tyr Ala
 65 70 75 80
 Asn Trp Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser Thr Thr
 85 90 95
 Val Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Val Ala Asp Thr Ala Thr Tyr
 100 105 110

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

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

 Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro
 245 250 255
 Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
 260 265 270

Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile
275 280 285

Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu Arg Glu Gln Gln
290 295 300

Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln
305 310 315 320

Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val His Asn Lys Ala
325 330 335

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro
340 345 350

Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser
355 360 365

Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser
370 375 380

Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr
385 390 395 400

Lys Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr
405 410 415

Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg Gly Asp Val Phe
420 425 430

Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
435 440 445

Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys
450 455

<210> 180

<211> 239

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 180

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp
1 5 10 15

Leu Pro Gly Ala Arg Cys Ala Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Ala
20 25 30

Ser Val Glu Ala Ala Val Gly Gly Thr Val Thr Ile Lys Cys Gln Ala
35 40 45

Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
50 55 60

Gln Arg Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Arg Ala Ser Thr Leu Lys Ser Gly
65 70 75 80

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

Thr Ile Ser Asp Leu Glu Cys Ala Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
100 105 110

Ala Tyr Tyr Leu Ser Ser Ser Ile Ser Tyr Gly Asn Thr Phe Gly Gly
115 120 125

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

Ile Phe Pro Pro Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile
145 150 155 160

Val Cys Val Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu
165 170 175

Val Asp Gly Thr Thr Gln Thr Thr Gly Ile Glu Asn Ser Lys Thr Pro
180 185 190

Gln Asn Ser Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu
195 200 205

Thr Ser Thr Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr
210 215 220

Gln Gly Thr Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys
225 230 235

<210> 181

<211> 471

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 181

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

1 5 10 15

Val Gln Cys Gln Gln Gln Leu Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys

20 25 30

Pro Gly Gly Thr Leu Thr Leu Thr Cys Lys Ala Ser Gly Val Ala Leu

35 40 45

Asn Pro Tyr Tyr Tyr Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly

50 55 60

Leu Glu Trp Ile Ala Cys Val Asp Ala Asp Ser Ser Gly Ser Thr Tyr

65 70 75 80

Tyr Ala Ser Trp Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser

85 90 95

Thr Thr Val Thr Leu Lys Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala

100 105 110

Thr Tyr Phe Cys Ala Arg Glu Ser Val Asp Tyr Ser Ser Val Gly Ile

115 120 125

Gly Tyr Val His Gly Thr Asp Gly Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val

130 135 140

Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala

145 150 155 160

Pro Cys Cys Gly Asp Thr Pro Ser Ser Thr Val Thr Leu Gly Cys Leu

165 170 175

Val Lys Gly Tyr Leu Pro Glu Pro Val Thr Val Thr Trp Asn Ser Gly

180 185 190

Thr Leu Thr Asn Gly Val Arg Thr Phe Pro Ser Val Arg Gln Ser Ser

195 200 205
 Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Ser Val Thr Ser Ser Ser Gln
 210 215 220
 Pro Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp
 225 230 235 240
 Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro Met Cys Pro Pro Pro
 245 250 255
 Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro Lys
 260 265 270

 Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
 275 280 285
 Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile Asn
 290 295 300
 Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu Arg Glu Gln Gln Phe
 305 310 315 320
 Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln Asp
 325 330 335

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

 Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr Lys
 405 410 415
 Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr Ser
 420 425 430
 Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg Gly Asp Val Phe Thr
 435 440 445

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
450 455 460

Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys

465 470

<210> 182

<211> 239

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 182

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15

Leu Pro Gly Ala Arg Cys Ala Asp Ile Val Val Thr Gln Thr Pro Ser

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gln Ser Ile Ser Asn Tyr Phe Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

50 55 60

Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Arg Ala Ser Thr Leu Ala Ser Gly

65 70 75 80

Val Pro Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu

85 90 95

Thr Ile Ser Asp Leu Glu Cys Ala Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln

100 105 110

Cys Thr Tyr Gly Arg Ser Asn Ser Asn Phe Phe Tyr Gly Phe Gly Gly

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Cys Val Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu

165 170 175

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

180 185 190

Gln Asn Ser Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu

195 200 205

Thr Ser Thr Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr

210 215 220

Gln Gly Thr Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys

225 230 235

<210> 183

<211> 464

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 183

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

1 5 10 15

Val Gln Cys Gln Ser Leu Glu Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys Pro

20 25 30

Gly Ala Ser Leu Thr Leu Thr Cys Thr Ala Ser Gly Ser Ser Phe Ser

35 40 45

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

50 55 60

Glu Trp Ile Ala Cys Ile Asn Ala Gly Ser Gly Thr Thr Tyr Tyr Ala

65 70 75 80

Ser Trp Ala Lys Gly Arg Phe Thr Val Ser Lys Thr Ser Ser Thr Thr

85 90 95

Val Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Thr Tyr

100	105	110	
Phe Cys Thr Arg Asp Ser Asp Gly Arg Phe Ser Ser Gly Tyr Tyr Phe			
115	120	125	
Asn Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro			
130	135	140	
Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Cys Gly Asp Thr Pro			
145	150	155	160
Ser Ser Thr Val Thr Leu Gly Cys Leu Val Lys Gly Tyr Leu Pro Glu			
165	170	175	
Pro Val Thr Val Thr Trp Asn Ser Gly Thr Leu Thr Asn Gly Val Arg			
180	185	190	
Thr Phe Pro Ser Val Arg Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser			
195	200	205	
Val Val Ser Val Thr Ser Ser Ser Gln Pro Val Thr Cys Asn Val Ala			
210	215	220	
His Pro Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr			
225	230	235	240
Cys Ser Lys Pro Met Cys Pro Pro Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser			
245	250	255	
Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg			
260	265	270	
Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro			
275	280	285	
Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala			
290	295	300	
Arg Pro Pro Leu Arg Glu Gln Gln Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val			
305	310	315	320
Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe			
325	330	335	
Lys Cys Lys Val His Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr			
340	345	350	

Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met

355 360 365
Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys

370 375 380
Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys
385 390 395 400

Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp
405 410 415
Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser

420 425 430
Glu Trp Gln Arg Gly Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala

435 440 445
Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys
450 455 460

<210> 184

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 184

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15
Leu Pro Gly Ala Thr Phe Ala Gln Val Leu Thr Gln Thr Ala Ser Pro

20 25 30
Val Ser Ala Ala Val Gly Gly Thr Val Thr Ile Asn Cys Gln Ser Ser

35 40 45
Gln Ser Val Tyr Asp Asn Asn Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

50 55 60
Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Asp Asp Ala Ser Lys Leu Thr Ser

65				70				75				80			
Gly	Val	Ser	Ser	Arg	Phe	Lys	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Gln	Phe	Thr
				85				90				95			
Leu	Thr	Ile	Ser	Gly	Val	Gln	Cys	Asp	Asp	Ala	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys
100				105				110							
Gln	Gly	Ala	Tyr	Tyr	Ser	Ser	Gly	Trp	Tyr	Trp	Ala	Phe	Gly	Gly	Gly
115				120				125							
Thr	Glu	Val	Val	Val	Lys	Gly	Asp	Pro	Val	Ala	Pro	Thr	Val	Leu	Ile
130				135				140							
Phe	Pro	Pro	Ala	Ala	Asp	Gln	Val	Ala	Thr	Gly	Thr	Val	Thr	Ile	Val
145				150				155				160			
Cys	Val	Ala	Asn	Lys	Tyr	Phe	Pro	Asp	Val	Thr	Val	Thr	Trp	Glu	Val
165				170				175							
Asp	Gly	Thr	Thr	Gln	Thr	Thr	Gly	Ile	Glu	Asn	Ser	Lys	Thr	Pro	Gln
180				185				190							
Asn	Ser	Ala	Asp	Cys	Thr	Tyr	Asn	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr	Leu	Thr
195				200				205							
Ser	Thr	Gln	Tyr	Asn	Ser	His	Lys	Glu	Tyr	Thr	Cys	Lys	Val	Thr	Gln
210				215				220							
Gly	Thr	Thr	Ser	Val	Val	Gln	Ser	Phe	Asn	Arg	Gly	Asp	Cys		
225				230				235							
<210> 185															
<211> 467															
<212> PRT															
<213> Artificial Sequence															
<220><221> source															
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"															
<400> 185															
Met	Glu	Thr	Gly	Leu	Arg	Trp	Leu	Leu	Leu	Val	Ala	Val	Leu	Lys	Gly
1				5				10				15			
Val	Gln	Cys	Gln	Gln	Gln	Leu	Glu	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Lys

20 25 30
 Pro Gly Gly Thr Leu Thr Leu Thr Cys Lys Ala Ser Gly Ile Asp Phe
 35 40 45
 Ser Ser Tyr Tyr Tyr Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly
 50 55 60
 Leu Glu Leu Ile Val Cys Ile Tyr Thr Ser Ser Gly Gly Thr Trp Tyr

 65 70 75 80
 Ala Ser Trp Val Asn Gly Arg Leu Thr Ile Ser Arg Ser Thr Ser Leu
 85 90 95
 Asn Thr Val Asp Leu Lys Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala
 100 105 110
 Thr Tyr Phe Cys Ala Arg Gly Val Tyr Ser Gly Ser Ser Asp Tyr Pro
 115 120 125
 Thr Arg Leu Asp Leu Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Leu

 130 135 140
 Gly Gln Pro Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Cys Gly
 145 150 155 160
 Asp Thr Pro Ser Ser Thr Val Thr Leu Gly Cys Leu Val Lys Gly Tyr
 165 170 175
 Leu Pro Glu Pro Val Thr Val Thr Trp Asn Ser Gly Thr Leu Thr Asn
 180 185 190
 Gly Val Arg Thr Phe Pro Ser Val Arg Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

 195 200 205
 Leu Ser Ser Val Val Ser Val Thr Ser Ser Ser Gln Pro Val Thr Cys
 210 215 220
 Asn Val Ala His Pro Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Lys Thr Val Ala
 225 230 235 240
 Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro Met Cys Pro Pro Pro Glu Leu Pro Gly
 245 250 255
 Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met

 260 265 270

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln
275 280 285

Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val
290 295 300

Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu Arg Glu Gln Gln Phe Asn Ser Thr Ile
305 310 315 320

Arg Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly
325 330 335

Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val His Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
340 345 350

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro Leu Glu Pro Lys Val
355 360 365

Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser
370 375 380

Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ser Val Glu
385 390 395 400

Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Thr
405 410 415

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val
420 425 430

Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg Gly Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met
435 440 445

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser
450 455 460

Pro Gly Lys
465

<210> 186

<211> 236

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 186

Met Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15

Leu Thr Gly Ala Arg Cys Ala Ile Glu Met Thr Gln Ser Pro Pro Ser

20 25 30

Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Arg Ile Arg Cys Leu Ala Ser

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Pro Arg Phe Ser Gly Gly Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr

85 90 95

Ile Gly Gly Val Gln Ala Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gly

100 105 110

Gly Tyr Ser Phe Ser Ser Thr Gly Leu Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys

115 120 125

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

130 135 140

Pro Ser Lys Glu Glu Leu Thr Thr Gly Thr Ala Thr Ile Val Cys Val

145 150 155 160

Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu Val Asp Gly

165 170 175

Thr Thr Gln Thr Thr Gly Ile Glu Asn Ser Lys Thr Pro Gln Asn Ser

180 185 190

Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr Ser Thr

195 200 205

Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr Gln Gly Thr

210 215 220

Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys

225	230										235																		
<210> 187																													
<211> 460																													
<212> PRT																													
<213> Artificial Sequence																													
<220><221> source																													
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"																													
<400> 187																													
Met	Glu	Thr	Gly	Leu	Arg	Trp	Leu	Leu	Leu	Val	Ala	Val	Leu	Lys	Gly														
1			5			10			15																				
Val	Gln	Cys	Gln	Gln	His	Leu	Val	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Lys														
			20			25			30																				
Pro	Gly	Ala	Ser	Leu	Thr	Leu	Thr	Cys	Thr	Ala	Ser	Gly	Phe	Ser	Phe														
35			40			45																							
Thr	Thr	Gly	Tyr	His	Met	Cys	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly														
50			55			60																							
Leu	Glu	Trp	Ile	Ala	Cys	Phe	Gly	Val	Tyr	Thr	Ser	Thr	Thr	Thr	Tyr														
65			70			75			80																				
Ala	Ser	Trp	Ala	Lys	Gly	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Lys	Thr	Ser	Ser	Thr														
			85			90			95																				
Thr	Val	Thr	Leu	Gln	Met	Thr	Ser	Leu	Thr	Val	Ala	Asp	Thr	Ala	Thr														
100			105			110																							
Tyr	Phe	Cys	Ala	Arg	Ile	Ser	Ala	Glu	Asp	Gly	Gly	Asp	Leu	Trp	Gly														
115			120			125																							
Pro	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser	Gly	Gln	Pro	Lys	Ala	Pro	Ser														
130			135			140																							
Val	Phe	Pro	Leu	Ala	Pro	Cys	Cys	Gly	Asp	Thr	Pro	Ser	Ser	Thr	Val														
145			150			155			160																				
Thr	Leu	Gly	Cys	Leu	Val	Lys	Gly	Tyr	Leu	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Val														
165			170			175																							
Thr	Trp	Asn	Ser	Gly	Thr	Leu	Thr	Asn	Gly	Val	Arg	Thr	Phe	Pro	Ser														

180	185	190
Val Arg Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Ser Val		
195	200	205
Thr Ser Ser Ser Gln Pro Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala Thr		
210	215	220
Asn Thr Lys Val Asp Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro		
225	230	235
Met Cys Pro Pro Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe		
245	250	255
Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val		
260	265	270
Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe		
275	280	285
Thr Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu		
290	295	300
Arg Glu Gln Gln Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro		
305	310	315
Ile Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val		
325	330	335
His Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala		
340	345	350
Arg Gly Gln Pro Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg		
355	360	365
Glu Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly		
370	375	380
Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala		
385	390	395
Glu Asp Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser		
405	410	415
Tyr Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg		
420	425	430

Gly Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His

435 440 445

Tyr Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys

450 455 460

<210> 188

<211> 236

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 188

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15

Leu Pro Gly Ala Arg Cys Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Ala Ser

20 25 30

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

35 40 45

Gln Ser Ile Ser Asn Tyr Phe Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Phe Thr Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asp Leu Glu Cys Ala Asp Ser Ala Thr Tyr Ala Cys Gln Cys

100 105 110

Thr Tyr Gly Ser Ser Ser Thr Gly Phe Gly Phe Gly Gly Gly Thr Glu

115 120 125

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

130 135 140

Pro Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile Val Cys Val

145 150 155 160

Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu Val Asp Gly
 165 170 175
 Thr Thr Gln Thr Thr Gly Ile Glu Asn Ser Lys Thr Pro Gln Asn Ser
 180 185 190

Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr Ser Thr
 195 200 205
 Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr Gln Gly Thr
 210 215 220
 Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys
 225 230 235

<210> 189

<211> 462

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 189

Met Glu Thr Gly Leu Arg Trp Leu Leu Leu Val Ala Val Leu Lys Gly
 1 5 10 15
 Val Gln Cys Gln Ser Leu Glu Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys Pro
 20 25 30
 Gly Ala Ser Leu Thr Leu Thr Cys Lys Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser
 35 40 45
 Ser Tyr Phe Trp Ile Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
 50 55 60

Glu Trp Ser Ala Cys Ile Tyr Gly Asp Ser Ser Gly Ser Ser Tyr Tyr
 65 70 75 80
 Ala Ser Trp Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser Thr
 85 90 95
 Thr Val Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Thr
 100 105 110

Tyr Phe Cys Ala Ser Tyr Gly Ser Ser Ser Tyr Tyr Tyr Ser Asn Leu
 115 120 125

Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro Lys Ala
 130 135 140

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Cys Gly Asp Thr Pro Ser Ser
 145 150 155 160

Thr Val Thr Leu Gly Cys Leu Val Lys Gly Tyr Leu Pro Glu Pro Val
 165 170 175

Thr Val Thr Trp Asn Ser Gly Thr Leu Thr Asn Gly Val Arg Thr Phe
 180 185 190

Pro Ser Val Arg Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val
 195 200 205

Ser Val Thr Ser Ser Ser Gln Pro Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro
 210 215 220

Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser
 225 230 235 240

Lys Pro Met Cys Pro Pro Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe
 245 250 255

Ile Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro
 260 265 270

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val
 275 280 285

Gln Phe Thr Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro
 290 295 300

Pro Leu Arg Glu Gln Gln Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr
 305 310 315 320

Leu Pro Ile Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys
 325 330 335

Lys Val His Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser
 340 345 350

Lys Ala Arg Gly Gln Pro Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro

355 360 365
Pro Arg Glu Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile
370 375 380

Asn Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly
385 390 395 400
Lys Ala Glu Asp Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp
405 410 415
Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp
420 425 430
Gln Arg Gly Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His
435 440 445

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys
450 455 460

<210> 190

<211> 235

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 190

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp
1 5 10 15
Leu Pro Gly Ala Ile Cys Asp Pro Val Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser
20 25 30

Thr Ser Ala Ala Val Gly Gly Thr Val Thr Ile Ser Cys Gln Ser Ser
35 40 45
Gln Ser Val Tyr Asn Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
50 55 60
Gly Gln Pro Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Glu Ser Ser Lys Leu Ala Ser
65 70 75 80
Gly Val Pro Ser Arg Phe Arg Gly Ser Gly Ser Gly Ala Gln Phe Thr

85

90

95

Leu Thr Ile Ser Asp Leu Glu Cys Asp Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys

100

105

110

Leu Gly Ala Tyr Tyr Thr Thr Leu Asp Phe Gly Gly Gly Thr Glu Val

115

120

125

Val Val Arg Gly Asp Pro Val Ala Pro Thr Val Leu Ile Phe Pro Pro

130

135

140

Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile Val Cys Val Ala

145

150

155

160

Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu Val Asp Gly Thr

165

170

175

Thr Gln Thr Thr Gly Ile Glu Asn Ser Lys Thr Pro Gln Asn Ser Ala

180

185

190

Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr Ser Thr Gln

195

200

205

Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr Gln Gly Thr Thr

210

215

220

Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys

225

230

235

<210> 191

<211> 460

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 191

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

1

5

10

15

Val Gln Cys Gln Glu Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln

20

25

30

Pro Glu Gly Ser Leu Thr Leu Thr Cys Lys Ala Ser Gly Phe Asp Phe
35 40 45

Ser Ser Asn Ala Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
50 55 60

Glu Trp Ile Ala Cys Ile Tyr Asn Gly Asp Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala
65 70 75 80

Ser Trp Val Asn Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser Thr Thr
85 90 95

Val Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Thr Tyr
100 105 110

Phe Cys Ala Arg Gly Leu Ser Asn Trp Asn Arg Asp Asn Leu Trp Gly
115 120 125

Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro Lys Ala Pro Ser
130 135 140

Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Cys Gly Asp Thr Pro Ser Ser Thr Val
145 150 155 160

Thr Leu Gly Cys Leu Val Lys Gly Tyr Leu Pro Glu Pro Val Thr Val
165 170 175

Thr Trp Asn Ser Gly Thr Leu Thr Asn Gly Val Arg Thr Phe Pro Ser
180 185 190

Val Arg Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Ser Val
195 200 205

Thr Ser Ser Ser Gln Pro Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala Thr
210 215 220

Asn Thr Lys Val Asp Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro
225 230 235 240

Met Cys Pro Pro Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe
245 250 255

Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val
260 265 270

Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe

275 280 285
 Thr Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu
 290 295 300
 Arg Glu Gln Gln Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro
 305 310 315 320
 Ile Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val
 325 330 335
 His Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala
 340 345 350

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

 Tyr Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg
 420 425 430
 Gly Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His
 435 440 445
 Tyr Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys
 450 455 460
 <210> 192
 <211> 239
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

 <400> 192

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp
1 5 10 15
Leu Pro Gly Ala Thr Phe Ala Gln Val Leu Thr Gln Thr Pro Ser Ser
20 25 30
Val Ser Ala Ala Val Gly Gly Thr Ala Thr Ile Asn Cys Gln Ala Ser
35 40 45
Gln Ser Leu Tyr Ser Pro Lys Asn Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Thr Pro
50 55 60
Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Lys Leu Ala Ser
65 70 75 80
Gly Val Pro Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Phe Thr
85 90 95
Leu Thr Ile Ser Gly Val Gln Cys Asp Asp Ala Ala Ile Tyr Tyr Cys
100 105 110
Gln Gly Glu Phe Ser Cys Thr Thr Ala Ala Cys Phe Ala Phe Gly Gly
115 120 125
Gly Thr Glu Val Val Val Lys Gly Asp Pro Val Ala Pro Thr Val Leu
130 135 140
Ile Phe Pro Pro Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile
145 150 155 160
Val Cys Val Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu
165 170 175
Val Asp Gly Thr Thr Gln Thr Thr Gly Ile Glu Asn Ser Lys Thr Pro
180 185 190
Gln Asn Ser Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu
195 200 205
Thr Ser Thr Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr
210 215 220
Gln Gly Thr Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys
225 230 235
<210> 193
<211> 461

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 193

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

1 5 10 15

Val Gln Cys Gln Ser Leu Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro

20 25 30

Glu Gly Ser Leu Thr Leu Ala Cys Thr Ala Ser Gly Phe Ser Phe Ser

35 40 45

Ser Tyr Tyr Tyr Ile Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Thr Gly Leu

50 55 60

Glu Trp Ile Gly Cys Ile Asn Thr Gly Ser Asp Asp Thr His Tyr Ala

65 70 75 80

Ser Trp Leu Lys Gly Arg Phe Thr Phe Ser Lys Ala Ser Ser Thr Thr

85 90 95

Leu Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Thr Tyr

100 105 110

Phe Cys Ala Arg Ser Ser Gly Ser Ser Asp Asp Ala Tyr Asp Leu Trp

115 120 125

Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro Lys Ala Pro

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Thr Leu Gly Cys Leu Val Lys Gly Tyr Leu Pro Glu Pro Val Thr

165 170 175

Val Thr Trp Asn Ser Gly Thr Leu Thr Asn Gly Val Arg Thr Phe Pro

180 185 190

Ser Val Arg Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Ser

195	200	205
Val Thr Ser Ser Ser Gln Pro Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala		
210	215	220
Thr Asn Thr Lys Val Asp Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser Lys		
225	230	235
Pro Met Cys Pro Pro Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile		
245	250	255
Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu		
260	265	270
Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln		
275	280	285
Phe Thr Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro		
290	295	300
Leu Arg Glu Gln Gln Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu		
305	310	315
		320
Pro Ile Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys		
325	330	335
Val His Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys		
340	345	350
Ala Arg Gly Gln Pro Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro Pro		
355	360	365
Arg Glu Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile Asn		
370	375	380
Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly Lys		
385	390	395
		400
Ala Glu Asp Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly		
405	410	415
Ser Tyr Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln		
420	425	430
Arg Gly Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn		
435	440	445

His Tyr Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys

450 455 460

<210> 194

<211> 235

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 194

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15

Leu Pro Gly Ala Arg Cys Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Ala Ser

20 25 30

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

35 40 45

Gln Ser Ile Gly Ser Asn Leu Ala Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Gln

50 55 60

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Phe Ala Ser Ser Leu Ala Ser Gly Val

65 70 75 80

Ser Ser Arg Phe Lys Gly Gly Arg Ser Gly Thr Gln Phe Thr Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asp Leu Glu Cys Ala Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys His Cys

100 105 110

Thr Tyr Tyr Pro Leu Ser Tyr Val Thr Phe Gly Gly Gly Thr Glu Val

115 120 125

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

130 135 140

Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile Val Cys Val Ala

145 150 155 160

Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu Val Asp Gly Thr

165 170 175

Thr Gln Thr Thr Gly Ile Glu Asn Ser Lys Thr Pro Gln Asn Ser Ala
 180 185 190
 Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr Ser Thr Gln
 195 200 205
 Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr Gln Gly Thr Thr
 210 215 220

Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys
 225 230 235

<210> 195

<211> 464

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 195

Met Glu Thr Gly Leu Arg Trp Leu Leu Leu Val Ala Val Leu Lys Gly
 1 5 10 15
 Val Gln Cys Gln Ser Leu Glu Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys Pro
 20 25 30

Gly Thr Ser Leu Thr Leu Ser Cys Thr Ala Ser Gly Phe Ser Phe Gly
 35 40 45

Ser Tyr Tyr Tyr Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
 50 55 60

Glu Trp Ile Ala Cys Ile Asp Val Gly Ser Ser Gly Asp Thr Tyr Tyr
 65 70 75 80

Ala Ser Trp Val Asn Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser Thr
 85 90 95

Thr Val Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Thr
 100 105 110

Tyr Phe Cys Ala Arg Asp Asp Thr Ala Ala Gly Gly Phe Gly Asn Leu
 115 120 125

Glu Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro
 130 135 140
 Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Cys Gly Asp Thr Pro
 145 150 155 160

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

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

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

 Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met
 355 360 365
 Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys

370 375 380
Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys
385 390 395 400
Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp
405 410 415

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

<210> 196

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 196

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp
1 5 10 15
Leu Pro Gly Ala Arg Cys Ala Phe Glu Leu Thr Gln Thr Pro Ser Ser
20 25 30
Val Ser Glu Pro Val Gly Gly Thr Val Thr Ile Lys Cys Gln Ala Ser
35 40 45
Gln Ser Ile Tyr Ser Tyr Phe Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
50 55 60

Pro Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Gln Ala Ser Thr Leu Ala Ser Gly Val
65 70 75 80
Pro Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
85 90 95
Ile Ser Asp Leu Glu Cys Ala Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Asn

100 105 110
Asn Tyr Gly Arg Gly Ser Gly Ser Tyr Phe Phe Gly Phe Gly Gly Gly
115 120 125

Thr Glu Val Val Val Lys Gly Asp Pro Val Ala Pro Thr Val Leu Ile
130 135 140
Phe Pro Pro Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile Val
145 150 155 160
Cys Val Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu Val
165 170 175
Asp Gly Thr Thr Gln Thr Thr Gly Ile Glu Asn Ser Lys Thr Pro Gln
180 185 190

Asn Ser Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr
195 200 205
Ser Thr Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr Gln
210 215 220
Gly Thr Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys
225 230 235

<210> 197

<211> 456

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 197

Met Glu Thr Gly Leu Arg Trp Leu Leu Leu Val Ala Val Leu Lys Gly
1 5 10 15
Val Gln Cys Gln Ser Leu Glu Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys Pro
20 25 30
Gly Ala Ser Leu Thr Leu Thr Cys Lys Ala Ser Gly Ile Asp Phe Ser
35 40 45
Ser Gly Tyr Gly Met Trp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu

50 55 60
 Glu Tyr Ile Gly Tyr Ile Asp Thr Gly Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala
 65 70 75 80
 Asn Trp Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser Thr Met
 85 90 95
 Val Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Val Ala Asp Thr Ala Thr Tyr
 100 105 110
 Phe Cys Ala Lys Gly Gly Ala Ile Asp Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu
 115 120 125

 Val Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu
 130 135 140
 Ala Pro Cys Cys Gly Asp Thr Pro Ser Ser Thr Val Thr Leu Gly Cys
 145 150 155 160
 Leu Val Lys Gly Tyr Leu Pro Glu Pro Val Thr Val Thr Trp Asn Ser
 165 170 175
 Gly Thr Leu Thr Asn Gly Val Arg Thr Phe Pro Ser Val Arg Gln Ser
 180 185 190

 Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Ser Val Thr Ser Ser Ser
 195 200 205
 Gln Pro Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala Thr Asn Thr Lys Val
 210 215 220
 Asp Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro Met Cys Pro Pro
 225 230 235 240
 Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro
 245 250 255

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

Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln
305 310 315 320

Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val His Asn Lys Ala
325 330 335

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro
340 345 350

Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser
355 360 365

Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser
370 375 380

Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr
385 390 395 400

Lys Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr
405 410 415

Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg Gly Asp Val Phe
420 425 430

Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
435 440 445

Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys
450 455

<210> 198

<211> 239

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 198

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Trp
1 5 10 15

Leu Pro Gly Ala Arg Cys Ala Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Ala

20										25										30									
Ser	Val	Glu	Ala	Ala	Val	Gly	Gly	Thr	Val	Thr	Ile	Lys	Cys	Gln	Ala														
35					40					45																			
Ser	Gln	Ser	Ile	Ser	Ser	Tyr	Leu	Ala	Trp	Tyr	Gln	Gln	Lys	Pro	Gly														
50					55					60																			
Gln	Arg	Pro	Lys	Leu	Leu	Ile	Tyr	Arg	Ala	Ser	Thr	Leu	Ala	Ser	Gly														
65					70					75					80														
Val	Pro	Ser	Arg	Phe	Lys	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Asp	Tyr	Thr	Leu														
85					90					95																			
Thr	Ile	Ser	Asp	Leu	Glu	Cys	Ala	Asp	Ala	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	His														
100					105					110																			
Thr	Tyr	Tyr	Leu	Ser	Ser	Ser	Ile	Ser	Tyr	Gly	Asn	Thr	Phe	Gly	Gly														
115					120					125																			
Gly	Thr	Glu	Val	Val	Val	Lys	Gly	Asp	Pro	Val	Ala	Pro	Thr	Val	Leu														
130					135					140																			
Ile	Phe	Pro	Pro	Ala	Ala	Asp	Gln	Val	Ala	Thr	Gly	Thr	Val	Thr	Ile														
145					150					155					160														
Val	Cys	Val	Ala	Asn	Lys	Tyr	Phe	Pro	Asp	Val	Thr	Val	Thr	Trp	Glu														
165					170					175																			
Val	Asp	Gly	Thr	Thr	Gln	Thr	Thr	Gly	Ile	Glu	Asn	Ser	Lys	Thr	Pro														
180					185					190																			
Gln	Asn	Ser	Ala	Asp	Cys	Thr	Tyr	Asn	Leu	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr	Leu														
195					200					205																			
Thr	Ser	Thr	Gln	Tyr	Asn	Ser	His	Lys	Glu	Tyr	Thr	Cys	Lys	Val	Thr														
210					215					220																			
Gln	Gly	Thr	Thr	Ser	Val	Val	Gln	Ser	Phe	Asn	Arg	Gly	Asp	Cys															
225					230					235																			
<210> 199																													
<211> 465																													
<212> PRT																													
<213> Artificial Sequence																													

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 199

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

1 5 10 15

Val Gln Cys Gln Glu Gln Leu Glu Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys

20 25 30

Pro Glu Gly Ser Leu Thr Leu Thr Cys Lys Ala Ser Gly Phe Ser Phe

35 40 45

Ser Ser Ile Tyr Trp Ile Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly

50 55 60

Leu Glu Trp Ile Ala Cys Thr Thr Val Val Lys Ser Gly Arg Thr Tyr

65 70 75 80

Tyr Ala Asn Trp Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser

85 90 95

Thr Thr Val Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala

100 105 110

Thr Tyr Phe Cys Ala Arg Glu Phe Val Asp Gly Gly Gly Ser Ser Gly

115 120 125

Arg Asp Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gln

130 135 140

Pro Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Cys Gly Asp Thr

145 150 155 160

Pro Ser Ser Thr Val Thr Leu Gly Cys Leu Val Lys Gly Tyr Leu Pro

165 170 175

Glu Pro Val Thr Val Thr Trp Asn Ser Gly Thr Leu Thr Asn Gly Val

180 185 190

Arg Thr Phe Pro Ser Val Arg Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser

195 200 205

Ser Val Val Ser Val Thr Ser Ser Ser Gln Pro Val Thr Cys Asn Val

210				215				220							
Ala	His	Pro	Ala	Thr	Asn	Thr	Lys	Val	Asp	Lys	Thr	Val	Ala	Pro	Ser
225				230				235				240			
Thr	Cys	Ser	Lys	Pro	Met	Cys	Pro	Pro	Pro	Glu	Leu	Pro	Gly	Gly	Pro
245				250				255							
Ser	Val	Phe	Ile	Phe	Pro	Pro	Lys	Pro	Lys	Asp	Thr	Leu	Met	Ile	Ser
260				265				270							
Arg	Thr	Pro	Glu	Val	Thr	Cys	Val	Val	Val	Asp	Val	Ser	Gln	Asp	Asp
275				280				285							
Pro	Glu	Val	Gln	Phe	Thr	Trp	Tyr	Ile	Asn	Asn	Glu	Gln	Val	Arg	Thr
290				295				300							
Ala	Arg	Pro	Pro	Leu	Arg	Glu	Gln	Gln	Phe	Asn	Ser	Thr	Ile	Arg	Val
305				310				315				320			
Val	Ser	Thr	Leu	Pro	Ile	Ala	His	Gln	Asp	Trp	Leu	Arg	Gly	Lys	Glu
325				330				335							
Phe	Lys	Cys	Lys	Val	His	Asn	Lys	Ala	Leu	Pro	Ala	Pro	Ile	Glu	Lys
340				345				350							
Thr	Ile	Ser	Lys	Ala	Arg	Gly	Gln	Pro	Leu	Glu	Pro	Lys	Val	Tyr	Thr
355				360				365							
Met	Gly	Pro	Pro	Arg	Glu	Glu	Leu	Ser	Ser	Arg	Ser	Val	Ser	Leu	Thr
370				375				380							
Cys	Met	Ile	Asn	Gly	Phe	Tyr	Pro	Ser	Asp	Ile	Ser	Val	Glu	Trp	Glu
385				390				395				400			
Lys	Asn	Gly	Lys	Ala	Glu	Asp	Asn	Tyr	Lys	Thr	Thr	Pro	Thr	Val	Leu
405				410				415							
Asp	Ser	Asp	Gly	Ser	Tyr	Phe	Leu	Tyr	Ser	Lys	Leu	Ser	Val	Pro	Thr
420				425				430							
Ser	Glu	Trp	Gln	Arg	Gly	Asp	Val	Phe	Thr	Cys	Ser	Val	Met	His	Glu
435				440				445							
Ala	Leu	His	Asn	His	Tyr	Thr	Gln	Lys	Ser	Ile	Ser	Arg	Ser	Pro	Gly
450				455				460							

Lys

465

<210> 200

<211> 236

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 200

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15

Leu Pro Gly Ala Arg Cys Ala Tyr Asp Met Thr Gln Thr Pro Ala Ser

20 25 30

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

35 40 45

Gln Ser Ile Ser Arg Asp Leu Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

50 55 60

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

65 70 75 80

Pro Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

85 90 95

Ile Ser Asp Leu Glu Cys Ala Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln

100 105 110

Gly Tyr Ser Ser Ile Asp Val Asp Asn Asp Phe Gly Gly Gly Thr Glu

115 120 125

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

130 135 140

Pro Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile Val Cys Val

145 150 155 160

Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu Val Asp Gly

165 170 175

Thr Thr Gln Thr Thr Gly Ile Glu Asn Ser Lys Thr Pro Gln Asn Ser
180 185 190

Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr Ser Thr
195 200 205

Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr Gln Gly Thr
210 215 220

Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys
225 230 235

<210> 201

<211> 467

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 201

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

Val Gln Cys Gln Glu Gln Leu Glu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys
20 25 30

Pro Glu Gly Ser Leu Thr Leu Thr Cys Lys Ala Ser Gly Phe Asp Leu
35 40 45

Ser Ser Gly Tyr Asp Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly
50 55 60

Leu Glu Trp Ile Ala Cys Ile Tyr Ala Asp Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr
65 70 75 80

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

Leu Asn Thr Val Asp Leu Lys Met Thr Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr
100 105 110

Ala Thr Tyr Phe Cys Ala Arg Gly Ala Thr Gly Asn Gly Gly Tyr Gly

115 120 125
 Tyr Tyr Phe Asn Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 130 135 140
 Gly Gln Pro Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Cys Gly
 145 150 155 160
 Asp Thr Pro Ser Ser Thr Val Thr Leu Gly Cys Leu Val Lys Gly Tyr
 165 170 175
 Leu Pro Glu Pro Val Thr Val Thr Trp Asn Ser Gly Thr Leu Thr Asn
 180 185 190

 Gly Val Arg Thr Phe Pro Ser Val Arg Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser
 195 200 205
 Leu Ser Ser Val Val Ser Val Thr Ser Ser Ser Gln Pro Val Thr Cys
 210 215 220
 Asn Val Ala His Pro Ala Thr Asn Thr Lys Val Asp Lys Thr Val Ala
 225 230 235 240
 Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro Met Cys Pro Pro Pro Glu Leu Pro Gly
 245 250 255

 Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
 260 265 270
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln
 275 280 285
 Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val
 290 295 300
 Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu Arg Glu Gln Gln Phe Asn Ser Thr Ile
 305 310 315 320

 Arg Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly
 325 330 335
 Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val His Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile
 340 345 350
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro Leu Glu Pro Lys Val
 355 360 365

Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser
370 375 380

Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ser Val Glu
385 390 395 400

Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Thr
405 410 415

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val
420 425 430

Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg Gly Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met
435 440 445

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser
450 455 460

Pro Gly Lys

465

<210> 202

<211> 238

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 202

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp
1 5 10 15

Leu Pro Gly Ala Arg Cys Ala Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Ala
20 25 30

Ser Val Ser Glu Pro Val Gly Gly Thr Val Thr Ile Lys Cys Gln Ala
35 40 45

Ser Gln Asn Ile Asn Ser Gly Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
50 55 60

Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Ala Ser Thr Leu Ala Ser Gly
65 70 75 80

Val Ser Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu

85 90 95

Thr Ile Ser Asp Leu Glu Cys Ala Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln

100 105 110

Thr Tyr Tyr Tyr Ser Ser Ser Ser Ser Asp Asn Ala Phe Gly Gly Gly

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Cys Val Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu Val

165 170 175

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

180 185 190

Asn Ser Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr

195 200 205

Ser Thr Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr Gln

210 215 220

Gly Thr Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys

225 230 235

<210> 203

<211> 462

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 203

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

1 5 10 15

Val Gln Cys Gln Ser Leu Glu Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys Pro

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

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

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

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

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val

275 280 285

Gln Phe Thr Trp Tyr Ile Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro

290 295 300

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

305 310 315 320

Leu Pro Ile Ala His Gln Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys

325 330 335

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

340 345 350

Lys Ala Arg Gly Gln Pro Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro

355 360 365

Pro Arg Glu Glu Leu Ser Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile

370 375 380

Asn Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly

385 390 395 400

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

405 410 415

Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp

420 425 430

Gln Arg Gly Asp Val Phe Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His

435 440 445

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys

450 455 460

<210> 204

<211> 239

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 204

Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp

1 5 10 15

Leu Pro Gly Ala Thr Phe Ala Gln Val Leu Thr Gln Thr Pro Ser Ser

20 25 30

Val Ser Ala Ala Val Gly Ser Thr Val Thr Ile Asn Cys Gln Ala Ser

35 40 45

Gln Ser Val Tyr Lys Asp Asn Asn Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

50 55 60

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

65 70 75 80

Gly Val Pro Ser Arg Phe Lys Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Phe Thr

85 90 95

Leu Thr Ile Ser Gly Val Gln Cys Glu Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys

100 105 110

Gln Gly Glu Phe Ser Cys Gly Ser Ala Asp Cys Ile Ala Phe Gly Gly

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Cys Val Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu

165 170 175

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

180 185 190

Gln Asn Ser Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu

195 200 205

Thr Ser Thr Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr

210 215 220

Gln Gly Thr Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys

225 230 235

<210> 205

<211> 456

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 205

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

1 5 10 15

Val Gln Cys Gln Ser Leu Glu Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys Pro

20 25 30

Gly Ala Ser Leu Thr Leu Thr Cys Lys Gly Ser Gly Ile Asp Phe Ser

35 40 45

Ser Gly Tyr Gly Met Trp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu

50 55 60

Glu Tyr Ile Gly Tyr Ile Asp Thr Gly Tyr Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala

65 70 75 80

Ser Trp Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Thr Ser Ser Thr Thr

85 90 95

Val Thr Leu Gln Met Thr Ser Leu Thr Val Ala Asp Thr Ala Thr Tyr

100 105 110

Phe Cys Ala Lys Gly Gly Ala Ile Asp Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu

115 120 125

Val Thr Val Ser Ser Gly Gln Pro Lys Ala Pro Ser Val Phe Pro Leu

130 135 140

Ala Pro Cys Cys Gly Asp Thr Pro Ser Ser Thr Val Thr Leu Gly Cys

145 150 155 160

Leu Val Lys Gly Tyr Leu Pro Glu Pro Val Thr Val Thr Trp Asn Ser

165 170 175

Gly Thr Leu Thr Asn Gly Val Arg Thr Phe Pro Ser Val Arg Gln Ser

180 185 190

Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Ser Val Thr Ser Ser Ser
195 200 205

Gln Pro Val Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala Thr Asn Thr Lys Val
210 215 220

Asp Lys Thr Val Ala Pro Ser Thr Cys Ser Lys Pro Met Cys Pro Pro
225 230 235 240

Pro Glu Leu Pro Gly Gly Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro
245 250 255

Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
260 265 270

Val Asp Val Ser Gln Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Thr Trp Tyr Ile
275 280 285

Asn Asn Glu Gln Val Arg Thr Ala Arg Pro Pro Leu Arg Glu Gln Gln
290 295 300

Phe Asn Ser Thr Ile Arg Val Val Ser Thr Leu Pro Ile Ala His Gln
305 310 315 320

Asp Trp Leu Arg Gly Lys Glu Phe Lys Cys Lys Val His Asn Lys Ala
325 330 335

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Arg Gly Gln Pro
340 345 350

Leu Glu Pro Lys Val Tyr Thr Met Gly Pro Pro Arg Glu Glu Leu Ser
355 360 365

Ser Arg Ser Val Ser Leu Thr Cys Met Ile Asn Gly Phe Tyr Pro Ser
370 375 380

Asp Ile Ser Val Glu Trp Glu Lys Asn Gly Lys Ala Glu Asp Asn Tyr
385 390 395 400

Lys Thr Thr Pro Thr Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Phe Leu Tyr
405 410 415

Ser Lys Leu Ser Val Pro Thr Ser Glu Trp Gln Arg Gly Asp Val Phe
420 425 430

Thr Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys

435 440 445
 Ser Ile Ser Arg Ser Pro Gly Lys
 450 455
 <210> 206
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"
 <400> 206
 Met Asp Thr Arg Ala Pro Thr Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Leu Trp
 1 5 10 15

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

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

 Phe Pro Pro Ala Ala Asp Gln Val Ala Thr Gly Thr Val Thr Ile Val
 145 150 155 160
 Cys Val Ala Asn Lys Tyr Phe Pro Asp Val Thr Val Thr Trp Glu Val

165 170 175
 Asp Gly Thr Thr Gln Thr Thr Gly Ile Glu Asn Ser Lys Thr Pro Gln
 180 185 190
 Asn Ser Ala Asp Cys Thr Tyr Asn Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Thr
 195 200 205

Ser Thr Gln Tyr Asn Ser His Lys Glu Tyr Thr Cys Lys Val Thr Gln
 210 215 220
 Gly Thr Thr Ser Val Val Gln Ser Phe Asn Arg Gly Asp Cys
 225 230 235

<210> 207
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"
 <400> 207

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Leu Asn Trp Val
 1 5 10

<210> 208
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"
 <400> 208

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser
 20 25

<210> 209
 <211> 8

<212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 209
 Gly Phe Thr Phe Ser Asn Tyr Gly
 1 5

<210> 210

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 210
 Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser
 1 5 10 15
 Tyr

<210> 211

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 211
 Ile Ser Ser Ser Gly Ser Thr Val
 1 5

<210> 212

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 212

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

1 5 10 15

Ala Lys Asn Ser Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Asp Glu Asp

20 25 30

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Ser

35 40

<210> 213

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 213

Gly Gln Leu Asp Thr Ser Asp Ala Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 214

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 214

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

1 5 10

<210> 215

<211> 26

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 215

Asp Ile Glu Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Pro Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser

20 25

<210> 216

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 216

Gln Ser Ile Ser Ser Tyr

1 5

<210> 217

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 217

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

1 5 10 15

Tyr

<210> 218

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 218

Ala Ala Ser

1

<210> 219

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 219

Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Thr Tyr Tyr Cys

35

<210> 220

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 220

Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Leu Thr

1 5

<210> 221

<211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 221
 Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 1 5 10

<210> 222
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 222
 Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Ser Gly Arg
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Val Ser Cys Ala Ala Ser
 20 25

<210> 223
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 223
 Gly Phe Ser Phe Ser Ser Tyr Gly
 1 5
 <210> 224
 <211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 224

Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser
1 5 10 15

Tyr

<210> 225

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 225

Ile Ser Ser Ser Gly Ser Thr Ile
1 5

<210> 226

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 226

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

Ala Glu Asn Ser Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp
20 25 30

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

35 40

<210> 227

<211> 26

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 227

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser

20 25

<210> 228

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 228

Gln Gly Ile Ser Asn Tyr

1 5

<210> 229

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 229

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

1 5 10 15

Tyr

<210> 230

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 230

Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Thr Tyr Tyr Cys

35

<210> 231

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 231

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Val Lys

1 5 10

<210> 232

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 232

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser

20 25

<210> 233

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 233

Ile Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ile

1 5

<210> 234

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Any amino acid

<400> 234

Gly Gln Xaa Asp Xaa Ser Asp Ala Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 235

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (16)..(16)

<223> Any amino acid

<400> 235

Leu Asn Xaa Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Xaa

1 5 10 15

Tyr

<210> 236

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (1)..(1)

<223> Any amino acid

<400> 236

Xaa Ala Ser

1

<210> 237

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<220><

221> MOD_RES

<222> (31)..(31)

<223> Any amino acid

<400> 237

Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

1 5 10 15

Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Xaa Ala

20 25 30

Thr Tyr Tyr Cys

35

<210> 238

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (7)..(7)

<223> Any amino acid

<400> 238

Phe Gly Gly Gly Xaa Lys Xaa Glu Ile Lys

1 5 10

<210> 239

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 239

Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Ala Ile Ser Arg Asp Asn

1 5 10 15

Ala Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp

20 25 30

Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys Ala Lys

35 40

<210> 240

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 240

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

1 5 10 15

Phe Asp Tyr

<210> 241

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 241

His Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 242

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 242

Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

1 5 10

<210> 243

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 243

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser

20 25

<210> 244

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 244

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

1 5 10 15

Asn

<210> 245

<211> 8

<212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 245
 Ile Lys Gln Asp Gly Ser Glu Lys
 1 5

<210> 246

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 246
 Tyr Tyr Val Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn
 1 5 10 15
 Ala Lys Asn Ser Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp
 20 25 30
 Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
 35 40

<210> 247

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 247
 Val Thr Ser Pro His Ala Phe Asp Ile
 1 5

<210> 248

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 248

Trp Gly Arg Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

1 5 10

<210> 249

<211> 26

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 249

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ala Met Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser

20 25

<210> 250

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 250

Leu Ala Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Arg Leu Ile

1 5 10 15

Tyr

<210> 251

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 251

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser

20 25

<210> 252

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 252

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

1 5 10 15

Gly

<210> 253

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 253

Ile Asn Trp Asn Gly Gly Ser Thr

1 5

<210> 254
 <211> 40
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 254
 Gly Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn
 1 5 10 15
 Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Gly Glu Asp
 20 25 30
 Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Thr
 35 40

<210> 255
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 255
 Gln Gly Ser Ala Phe Asp Ile
 1 5

<210> 256
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 256
 Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Thr Ala Arg Ile Thr Cys Ser Gly Asp

20 25

<210> 257

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 257

Ala Leu Ala Lys Gln Tyr

1 5

<210> 258

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 258

Ala Tyr Trp Tyr Gln Gln Thr Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile

1 5 10 15

Tyr

<210> 259

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 259

Lys Asp Thr

1

<210> 260

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 260

Glu Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Asp Tyr Tyr Cys

35

<210> 261

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 261

Gln Ser Thr Asp Ser Ser Gly Thr Tyr Gln Val

1 5 10

<210> 262

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 262

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

1 5 10

<210> 263

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 263

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser

20 25

<210> 264

<211>

> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 264

Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Gly

1 5 10 15

Trp

<210> 265

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 265

Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr

1 5

<210> 266

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 266

Asn Tyr Ala Gln Lys Leu Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr

1 5 10 15

Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp

20 25 30

Thr Ala Ala Tyr Tyr Cys Ala Arg

35 40

<

210> 267

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 267

Val Thr Gly Ile Thr Gly Thr Thr Ile Asp Pro

1 5 10

<210> 268

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 268

Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser

1 5 10

<210> 269

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 269

Asp Ala Ser

1

<210> 270

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 270

Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Val Tyr Tyr Cys

35

<210> 271

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 271

Gln Gln Tyr Asn Asn Trp Pro Gln Thr

1 5

<210> 272

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 272

Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

1 5 10

<210> 273

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 273

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser

20 25

<210> 274

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 274

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

1 5 10 15

Ala

<210> 275

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 275

Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr

1 5

<210> 276

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 276

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

1 5 10 15

Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp

 20 25 30

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

 35 40

<

210> 277

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 277

Asp Tyr Gly Gly Tyr Asp Gly Val Tyr Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 278

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 278

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

1 5 10 15

Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp

20 25

<210> 279

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 279

Ser Leu Arg Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 280

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 280

Ala Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile

1 5 10 15
Tyr

<210> 281

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 281

Gly Lys Asn

1

<210> 282

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 282

Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Asp Tyr Tyr Cys

35

<210> 283

<211> 11

<212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 283
 Asn Ser Arg Asp Ser Ser Gly Asn His Val Val
 1 5 10

<210> 284

<211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 284
 Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Thr Val Leu
 1 5 10

<210> 285

<211> 25

<212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 285
 Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
 1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser
 20 25

<210> 286

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 286

Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

1 5 10 15

Val

<210> 287

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 287

Ile Ser Tyr Asp Gly Ser Asn Lys

1 5

<210> 288

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 288

Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Ala Ile Ser Arg Asp Asn

1 5 10 15

Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp

20 25 30

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

35 40

<210> 289
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 289
 Asp Arg Asp Val Gly Pro Thr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val
 1 5 10 15

<210> 290
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 290
 Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Leu Ser Val Ser Pro Gly Gln
 1 5 10 15
 Thr Ala Arg Ile Thr Cys Ser Gly His
 20 25

<210> 291
 <211> 6
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 291
 Ala Leu Pro Lys Gln Tyr
 1 5

<210> 292
 <211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 292

Glu Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Asp Tyr Tyr Cys

35

<210> 293

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 293

Gln Ser Ala Asp Ser Ser Gly Pro Tyr Gln Val

1 5 10

<210> 294

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 294

Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu

1 5 10

<210> 295

<211> 40
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"
 <400> 295
 Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn
 1 5 10 15
 Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp
 20 25 30
 Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys
 35 40

<210> 296
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 296
 Asp Arg Glu Tyr Ile Ala Val Ala Ala Asp Tyr
 1 5 10
 <210> 297
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"
 <400> 297
 Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 1 5 10

<210> 298
 <211> 26
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 298
 Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1 5 10 15
 Asp Thr Ile Ser Ile Thr Cys Arg Ala Ser
 20 25

<210> 299
 <211> 36
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 299
 Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Arg
 1 5 10 15
 Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Val Gln Pro Glu Asp Phe Ala
 20 25 30

Thr Tyr Tyr Cys
 35

<210> 300
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 300

Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Phe Thr

1 5

<210> 301

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 301

Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

1 5 10

<210> 302

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 302

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser

20 25

<210> 303

<211

> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 303

Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Gly

1 5 10 15

Ile

<210> 304

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 304

Ile Asn Pro Ser Gly Gly Ser Thr

1 5

<210> 305

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 305

Ile Tyr Ala Gln Lys Phe Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr

1 5 10 15

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

20 25 30

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

35 40

<

210> 306

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 306

Ser Leu Arg Asp Gly Tyr Asn Tyr Ile Gly Ser Leu Gly Tyr

1 5 10

<210> 307

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 307

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

1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser

20 25

<210> 308

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 308

Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Tyr

1 5

<210> 309

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 309

Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile

1 5 10 15

Tyr

<210> 310

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 310

Arg Asn Asn

1

<210> 311

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

polypeptide"

<400> 311

Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Gly Tyr Tyr Cys

35

<210> 312

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 312

Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr Ala

1 5

<210> 313

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 313

Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser

1 5 10 15

Gly

<210> 314

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 314

Ile Ser Trp Asn Ser Gly Ser Thr

1 5

<210> 315

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 315

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

1 5 10 15

Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp

20 25 30

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Gly

35 40

<210> 316

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 316

Gly Ser Arg Arg Tyr Asp Ser Ser Gly Tyr Tyr Tyr Glu Ser Phe Asp

1 5 10 15

Tyr

<210> 317

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 317

Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Thr Tyr Tyr Cys

35

<210> 318

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 318

Gln Gln Ser Tyr His Thr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 319

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 319

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser

20 25

<210> 320

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 320

Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr Ala

1 5

<210> 321

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 321

Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Gly

1 5 10 15

Arg

<210> 322

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 322

Ile Ile Pro Ile Leu Gly Ile Ala

1 5

<210> 323

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 323

Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys

1 5 10 15

Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp

20

25

30

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

35

40

<210> 324

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 324

Asp Ile Asn Arg Tyr Asn Trp Asn Phe Arg Ala Phe Asp Ile

1

5

10

<210> 325

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 325

Gln Ser Val Leu Tyr Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr

1

5

10

<210> 326

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 326

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Arg Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile

1

5

10

15

Tyr

<210> 327

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 327

Trp Ala Ser

1

<210> 328

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 328

Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Asn Gly Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Ala Tyr Tyr Cys

35

<210> 329

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 329

Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Leu Thr

1 5

<210> 330

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 330

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser

20 25

<210> 331

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 331

Asn Tyr Ala Gln Lys Leu Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asn Thr

1 5 10 15

Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp

20 25 30

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

35 40

<210> 332

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 332

Leu Asn Trp Tyr Arg Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

1 5 10 15

Tyr

<210> 333

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 333

Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Thr Tyr Tyr Cys

35

<210> 334

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 334

Gln Gln Tyr Asp Ser Gln Ser Gly Thr

1 5

<210> 335

<211> 25
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"
 <400> 335
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
 1 5 10 15
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser
 20 25

<210> 336
 <211> 8
 <212>
 > PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"
 <400> 336
 Ile Ser Tyr Asp Gly Val Lys Lys
 1 5

<210> 337
 <211> 40
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"
 <400> 337
 Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn
 1 5 10 15
 Ser Lys Ser Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Asp Asp
 20 25 30

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Lys

35

40

<210> 338

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 338

Asp Leu Gly Trp Gln Asn Asp Tyr

1

5

<210> 339

<211> 33

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221>

> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 339

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1

5

10

15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Asp Leu Gly Trp Gln Asn Asp

20

25

30

Tyr

<210> 340

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 340

Ser Ser Asp Val Gly Gly His Asn Tyr

1 5

<210> 341

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 341

Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Met Ile

1 5 10 15

Tyr

<210> 342

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 342

Asp Val Ser

1

<210> 343

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 343

Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly

1 5 10 15
 Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala
 20 25 30
 Asp Tyr Tyr Cys

35
 <210> 344
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"
 <400> 344

Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Pro Trp Val

1 5 10
 <210> 345
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"
 <400> 345

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

1 5 10
 <210> 346
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"
 <400> 346

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser

20 25

<210> 347

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 347

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

1 5 10 15

Ser Lys Asn Ala Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp

20 25 30

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Arg Gly

35 40

<210> 348

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 348

Tyr Cys Ser Ser Thr Ser Cys Tyr Gly Arg Arg Gly Ala Phe Asp Ile

1 5 10 15

<210> 349

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 349

Ser Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

1 5 10

<210> 350

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 350

Gln Ala Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln

1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Arg

20 25

<210> 351

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 351

Asn Ser Asn Ile Gly Ser Asn Asn

1 5

<210> 352

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"
 <400> 352
 Val Asn Trp Tyr Gln His Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile
 1 5 10 15
 Tyr

<210> 353
 <211> 3
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 353
 Ser Asn Asn
 1
 <210> 354
 <211> 36
 <212>
 PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"
 <400> 354
 Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Ala Ser Lys Ser Gly
 1 5 10 15
 Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala
 20 25 30
 Asp Tyr Tyr Cys
 35
 <210> 355
 <211> 11
 <212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 355

Ala Ala Trp Asp Asp Arg Met Asn Gly Pro Val

1 5 10

<210> 356

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 356

Ile Gly Gly Gly Thr Lys Val Thr Val Leu Gly

1 5 10

<210> 357

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 357

Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Ala Lys Gly Leu Val Trp Val Ser

1 5 10 15

Arg

<210> 358

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 358

Ile Asn Ser Asp Gly Ser Ser Thr

1 5

<210> 359

<211

> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 359

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

1 5 10 15

Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp

20 25 30

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

35 40

<210> 360

<211>

14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 360

Asp Phe Trp Ser Gly Arg Pro Tyr Tyr Tyr Tyr Met Asp Val

1 5 10

<210> 361

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 361

Gln Asp Ile Gly Asp Asp

1 5

<210> 362

<211

> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 362

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

1 5 10 15

Tyr

<210> 363

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 363

Thr Leu Gln Gly Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Thr Tyr Tyr Cys

35

<210> 364
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 364
 Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Arg Thr
 1 5

<210> 365
 <211> 40
 <212>
 > PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 365
 Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn
 1 5 10 15
 Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Arg Arg Ala Glu Asp
 20 25 30
 Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
 35 40

<210> 366
 <211> 16
 <212>
 PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 366
 Trp Gly Ile Val Ala Ala Arg Pro Asn Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10 15

<210> 367

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 367

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Arg Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr

20 25

<210> 368

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 368

Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr

1 5

<210> 369

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 369

Ser Ser Tyr Ala Asn Asn Ser Pro Trp Val

1 5 10

<210> 370

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 370

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Thr Val Leu Gly

1 5 10

<210> 371

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 371

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser

20 25

<210> 372

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 372

Asn Tyr Ala Gln Lys Leu Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr

1 5 10 15

Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp

20 25 30

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

35 40

<210> 373

<211> 26

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 373

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser

20 25

<210> 374

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 374

Gln Asp Ile Ser Asn Tyr

1 5

<210> 375

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 375

Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Thr Tyr Tyr Cys

35

<210> 376

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 376

Gln Gln Tyr Ala Asn Leu Pro Leu Thr

1 5

<210> 377

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 377

Gly Phe Thr Val Ser Ser Asn Tyr

1 5

<210> 378

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 378

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

1 5 10 15

Val

<210> 379

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 379

Ile Tyr Ser Gly Gly Ser Thr

1 5

<210> 380

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 380

Gly Gly Leu Thr Gly Asp Asp Ala Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 381

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 381

Gln Ser Ile Ser Ser Phe

1 5

<210> 382

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 382

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile

1 5 10 15

Tyr

<210> 383

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 383

Thr Thr Ser

1

<210> 384

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 384

Gln Gln Gly Asn Ser Leu Pro Leu Thr

1 5

<210> 385

<211> 6
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 385
 Asp Lys Glu Leu Ser Tyr
 1 5

<210> 386
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 386
 Gln Ser Gly Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln
 1 5 10 15
 Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr
 20 25

<210> 387
 <211> 3
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 387
 Glu Val Ser
 1

<210> 388
 <211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 388

Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Asp Tyr Tyr Cys

35

<210> 389

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 389

Lys Thr Ser

1

<210> 390

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 390

Asn Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Thr Tyr Tyr Cys

35

<210> 391

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 391

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

1 5 10 15

Ala

<210> 392

<211> 14

<

212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 392

Asp Arg Pro Tyr Ser Tyr Gly Lys Asn Asp Ala Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 393

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 393

Gln Asp Val Ser Asn Tyr

1 5

<210> 394

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 394

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

1 5 10

<210> 395

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 395

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser

20 25

<210> 396

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 396

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Tyr

1 5

<210> 397

<211> 40

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 397

Ser Tyr Ala Gln Lys Phe Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr

1	5	10	15
Ser Thr Ser Thr Val Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp			
	20	25	30
Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg			
	35	40	

<210> 398

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 398

Ala Gly Gly Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Met Asp Val

1	5	10
---	---	----

<210> 399

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 399

Gln Ser Gly Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln

1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser

20 25

<210> 400

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 400

Gly Pro Asn Ile Gly Asn Asn Tyr

1 5

<210> 401

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 401

Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Met

1 5 10 15

Tyr

<210> 402

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 402

Ser Pro Trp Leu Ile Thr Phe Gly Gly Val Ile Ala Met Gly Tyr

1 5 10 15

<210> 403

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 403

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln

1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser

20 25

<210> 404

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 404

Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly

1 5 10 15

Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg Ser Glu Asp Glu Ala

20 25 30

Asp Tyr Tyr Cys

35

<210> 405

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 405

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Ser Gly Val Val

1 5 10

<210> 406

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 406

Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu Gly

1 5 10

<210> 407

<211>

> 26

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 407

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser

20 25

<210> 408

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 408

Gln Gln Phe Asn Asn Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 409

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 409

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser

20 25

<210> 410

<211> 36

<

212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 410

Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Asp Tyr Tyr Cys

35

<210> 411

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 411

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Tyr Val

1 5 10

<210> 412

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 412

Phe Gly Thr Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

1 5 10

<210> 413

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 413

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60
Gln Gly Gln Phe Ile Phe Ser Leu Asp Thr Ser Ile Asn Thr Thr Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Ile Tyr Phe Cys
85 90 95
Thr Arg Leu Gly Thr Gly Asn Thr Lys Gly Phe Ala Tyr Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 414

<211> 114

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 414

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

35 40 45
Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Asn Leu Gln Ser Gly Val
50 55 60
Pro Ser Arg Phe Ser Gly Arg Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Glu Gln
85 90 95
Thr Tyr Arg Tyr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile
100 105 110

Lys Arg

<210> 415

<211> 471

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 415

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

1 5 10 15

Val His Ser Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys

20 25 30

Pro Gly Ala Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe

35 40 45

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

50 55 60

Glu Trp Met Gly Tyr Ile Asn Pro Asp Asn Gly Gly Thr Ile Tyr Asn

65 70 75 80

Gln Lys Phe Lys Gly Arg Val Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser

85 90 95

Thr Ala Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val

100 105 110

Tyr Tyr Cys Ala Arg Leu Asp Ser Ser Gly Tyr Gly Tyr Tyr Ala Met

115 120 125

Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr

130 135 140

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

145 150 155 160

Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu

165 170 175

Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His

180	185	190
Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser		
195	200	205
Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys		
210	215	220
Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu		
225	230	235
Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro		
245	250	255
Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys		
260	265	270
Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val		
275	280	285
Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp		
290	295	300
Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr		
305	310	315
Ala Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp		
325	330	335
Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu		
340	345	350
Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg		
355	360	365
Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys		
370	375	380
Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp		
385	390	395
Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys		
405	410	415
Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser		
420	425	430

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
435 440 445

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
450 455 460

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
465 470

<210> 416
<211> 471
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"
<400> 416

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

Val His Ser Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys
20 25 30

Pro Gly Ala Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe
35 40 45

Pro Asp Tyr Asn Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu
50 55 60

Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Asn Pro Asp Asn Gly Gly Thr Ile Tyr Asn
65 70 75 80

Gln Lys Phe Lys Gly Arg Val Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Ala Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val
100 105 110

Tyr Tyr Cys Ala Arg Leu Asp Ser Ser Gly Tyr Gly Tyr Tyr Ala Met
115 120 125

Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr
130 135 140

Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser
 145 150 155 160
 Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
 165 170 175

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

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

 Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
 305 310 315 320
 Ala Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
 325 330 335
 Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
 340 345 350
 Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
 355 360 365

 Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys
 370 375 380
 Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp

385 390 395 400
 Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
 405 410 415
 Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser
 420 425 430

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
 435 440 445
 Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
 450 455 460
 Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
 465 470

<210> 417

<211> 471

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"

<400> 417

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

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

65 70 75 80
 Gln Lys Phe Lys Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser
 85 90 95
 Thr Ala Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val

100 105 110
 Tyr Tyr Cys Ala Arg Leu Asp Ser Ser Gly Tyr Gly Tyr Tyr Ala Met
 115 120 125
 Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr

 130 135 140
 Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser
 145 150 155 160
 Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu
 165 170 175
 Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His
 180 185 190
 Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser

 195 200 205
 Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys
 210 215 220
 Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu
 225 230 235 240
 Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
 245 250 255
 Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys

 260 265 270
 Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
 275 280 285
 Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
 290 295 300
 Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
 305 310 315 320
 Ala Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp

 325 330 335
 Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
 340 345 350

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
355 360 365

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys
370 375 380

Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp

385 390 395 400

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
405 410 415

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser
420 425 430

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
435 440 445

Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser

450 455 460

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

465 470

<210> 418

<211> 471

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 418

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

Val His Ser Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys
20 25 30

Pro Gly Ala Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe
35 40 45

Pro Asp Tyr Asn Met Asp Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu
50 55 60

Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Asn Pro Asp Asn Gly Gly Thr Ile Tyr Asn
 65 70 75 80
 Gln Lys Phe Lys Gly Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser
 85 90 95

 Thr Ala Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val
 100 105 110
 Tyr Tyr Cys Ala Arg Leu Asp Ser Ser Gly Tyr Gly Tyr Tyr Ala Met
 115 120 125
 Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr
 130 135 140
 Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser
 145 150 155 160

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

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

 Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
 290 295 300
 Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr

305 310 315 320
 Ala Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
 325 330 335
 Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
 340 345 350

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

 Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser
 420 425 430
 Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
 435 440 445
 Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
 450 455 460
 Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
 465 470
 <210> 419
 <211> 237
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 polypeptide"
 <400> 419
 Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
 1 5 10 15
 Val His Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val

20 25 30
 Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val
 35 40 45

 Asp Asn Tyr Gly Ile Ser Phe Met His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
 50 55 60
 Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Arg Ala Ser Asn Leu Asp Ser Gly
 65 70 75 80
 Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu
 85 90 95
 Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
 100 105 110

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

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

 <210>
 420
 <211> 237
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide"

<400> 420

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

1 5 10 15

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

20 25 30

Ser Pro Gly Gln Arg Ala Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val

35 40 45

Asp Asn Tyr Gly Ile Ser Phe Met His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Arg Thr Asp Phe Thr Leu

85 90 95

Thr Ile Asn Pro Val Glu Ala Asn Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln

100 105 110

Gln Ser Tyr Lys Asp Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu

115 120 125

Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser

130 135 140

Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn

145 150 155 160

Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala

165 170 175

Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys

180 185 190

Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp

195 200 205

Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu

210 215 220

Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

225 230 235

<210>

421

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 421

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

1 5 10 15

Leu Thr Leu Thr Cys Arg Val Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Ala Cys Ile Gly Thr Thr Arg Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Thr Trp Ala

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Ile Ser Ser Thr Thr Val Thr Leu

65 70 75 80

Gln Met Thr Ser Leu Thr Asp Ala Asp Thr Ala Thr Tyr Phe Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Ala Thr Gly Tyr Arg Ile Asn Thr Ile Gly Leu Tyr Phe Asn

100 105 110

Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 422

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 422

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

1 5 10 15

Leu Arg Leu Ser Cys Ala Val Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Cys Ile Gly Thr Thr Arg Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Ala

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Ile Ser Lys Asn Thr Val Tyr Leu

65 70 75 80

Gln Met Thr Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Ala Thr Gly Tyr Arg Ile Asn Thr Ile Gly Leu Tyr Phe Asn

100 105 110

Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 423

<211> 126

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 423

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Val Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Ser

20 25 30

Tyr Tyr Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Val Ser Cys Ile Gly Thr Thr Arg Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
 50 55 60
 Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val
 65 70 75 80

Tyr Leu Gln Met Thr Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe
 85 90 95
 Cys Ala Arg Asp Ala Thr Gly Tyr Arg Ile Asn Thr Ile Gly Leu Tyr
 100 105 110
 Phe Asn Leu Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120 125

<210> 424

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 424

Gln Ser Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly Ser
 1 5 10 15
 Leu Arg Leu Ser Cys Ala Val Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Ser Tyr
 20 25 30
 Tyr Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Ser Cys Ile Gly Thr Thr Arg Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Ala
 50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Glu Ser Lys Asn Thr Val Tyr Leu
 65 70 75 80
 Gln Met Ser Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala
 85 90 95
 Arg Asp Ala Thr Gly Tyr Arg Ile Asn Thr Ile Gly Leu Tyr Phe Asn
 100 105 110

Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

120

<210> 425

<

211> 126

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide"

<400> 425

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Val Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Ser

20 25 30

Tyr Tyr Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Val Ser Cys Ile Gly Thr Thr Arg Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

50 55 60

Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val

65 70 75 80

Tyr Leu Gln Met Ser Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe

85 90 95

Cys Ala Arg Asp Ala Thr Gly Tyr Arg Ile Asn Thr Ile Gly Leu Tyr

100 105 110

Phe Asn Leu Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 426

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 426

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

1 5 10 15

Leu Arg Leu Ser Cys Ala Val Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Ser Tyr

20 25 30

Tyr Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Cys Ile Gly Thr Thr Arg Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Ala

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Glu Ser Lys Asn Thr Val Tyr Leu

65 70 75 80

Gln Met Ser Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Ala Thr Gly Tyr Arg Ile Gln Thr Ile Gly Leu Tyr Phe Asn

100 105 110

Leu Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 427

<211> 126

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 427

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Val Ser Gly Phe Ser Phe Ser Ser Ser

20 25 30

Tyr Tyr Met Cys Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Val Ser Cys Ile Gly Thr Thr Arg Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
 50 55 60
 Ala Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Lys Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val
 65 70 75 80

Tyr Leu Gln Met Ser Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe
 85 90 95
 Cys Ala Arg Asp Ala Thr Gly Tyr Arg Ile Gln Thr Ile Gly Leu Tyr
 100 105 110
 Phe Asn Leu Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
 115 120 125

<210> 428

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 428

Glu Leu Thr Gln Thr Pro Ser Ser Val Glu Ala Ala Val Gly Gly Thr
 1 5 10 15
 Pro Thr Ile Lys Cys Gln Ala Ser Gln Thr Ile Tyr Ser Tyr Leu Ser
 20 25 30
 Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Glu
 35 40 45
 Ala Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly
 50 55 60

Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Asp Leu Glu Cys Ala Asp
 65 70 75 80
 Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr His Gly Thr Ala Ser Thr Glu
 85 90 95
 Tyr Asn Thr Phe Gly Gly Gly Thr Glu Val Val Val Lys
 100 105

<210> 429

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 429

Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg

1 5 10 15

Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Thr Ile Tyr Ser Tyr Leu Ser

20 25 30

Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Glu

35 40 45

Ala Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr His Gly Thr Ala Ser Thr Glu

85 90 95

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

100 105

<210> 430

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 430

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Thr Ile Tyr Ser Tyr
20 25 30
Leu Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Glu Ala Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr His Gly Thr Ala Ser
85 90 95
Thr Glu Tyr Asn Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 431

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 431

Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg
1 5 10 15
Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Thr Ile Tyr Ser Tyr Leu Ser
20 25 30
Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Glu
35 40 45
Ala Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp
65 70 75 80
Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr His Gly Thr Ala Ser Thr Glu
85 90 95

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

100

105

<210> 432

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 432

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Thr Ile Tyr Ser Tyr

20 25 30

Leu Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Glu Ala Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr His Gly Thr Ala Ser

85 90 95

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

100

105

110

<210> 433

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 433

Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg
 1 5 10 15
 Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Thr Ile Tyr Ser Tyr Leu Ser
 20 25 30
 Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Glu
 35 40 45
 Ala Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly
 50 55 60

Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp
 65 70 75 80
 Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr His Gly Thr Ala Ser Thr Glu
 85 90 95
 Tyr Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
 100 105

<210> 434

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 434

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
 1 5 10 15
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Thr Ile Tyr Ser Tyr
 20 25 30
 Leu Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Pro Pro Lys Leu Leu Ile
 35 40 45
 Tyr Glu Ala Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
 50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
 65 70 75 80

Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr His Gly Thr Ala Ser
85 90 95
Thr Glu Tyr Gln Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 435

<211> 26

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 435

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

Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser
20 25

<210> 436

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 436

Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Gly
1 5

<210> 437

<211> 8

<212>

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 437

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Trp

1 5

<210> 438

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 438

Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr Gly

1 5

<210> 439

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 439

Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Gly

1 5

<210> 440

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 440

Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Ala

1 5

<210> 441

<211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 441
 Gly Tyr Thr Phe Thr Arg Tyr Tyr
 1 5

<210> 442
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 442
 Asp Leu Gly His Phe Asp Ser Gly Ser Ser Tyr Phe Asp Tyr
 1 5 10

<210> 443
 <211> 36
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide"

<400> 443
 Lys Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly
 1 5 10 15
 Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala
 20 25 30
 Asp Tyr His Cys
 35