(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2022-0108216
(43) 공개일자 2022년08월02일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C12N 15/113 (2010.01) *A61K 48/00* (2006.01)
A61P 25/14 (2006.01) *C12N 15/86* (2006.01)
(52) CPC특허분류
C12N 15/113 (2013.01)
A61K 48/005 (2013.01)
(21) 출원번호 10-2022-7025973(분할)
(22) 출원일자(국제) 2017년05월18일
심사청구일자 없음
(62) 원출원 특허 10-2018-7033504
원출원일자(국제) 2017년05월18일
심사청구일자 2020년05월15일
(85) 번역문제출일자 2022년07월26일
(86) 국제출원번호 PCT/US2017/033281
(87) 국제공개번호 WO 2017/201258
국제공개일자 2017년11월23일
(30) 우선권주장
62/338,113 2016년05월18일 미국(US)
62/485,049 2017년04월13일 미국(US)

(71) 출원인
보이저 테라퓨틱스, 인크.
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 75
(72) 발명자
사 디나 웬-이
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 75
휴 진차오
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 75
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
장훈

전체 청구항 수 : 총 36 항

(54) 발명의 명칭 **헌팅톤 질환을 치료하기 위한 조성물 및 방법**

(57) 요 약

본 발명은 HTT 유전자에 대한 소형 간섭 RNA(siRNA) 분자, siRNA 분자를 암호화하는 아데노-관련 바이러스(AAV) 벡터, 및 siRNA 분자 및 AAV 벡터를 사용하여 헌팅톤 질환(HD)을 치료하기 위한 방법에 관한 것이다.

(52) CPC특허분류
A61P 25/14 (2018.01)
C12N 15/86 (2013.01)
C12N 2310/14 (2013.01)
C12N 2320/32 (2013.01)
C12N 2330/51 (2013.01)
C12N 2750/14143 (2013.01)
(72) 발명자
초우 팡췽
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 75
왕 신
미국 매사추세츠주 02139 캠브릿지 시드니 스트리트 75
데케르트 요헨
독일 95444 바이로이트 한스-사흐 슈트라세 34체
호스바흐 마르쿠스
독일 95326 쿨름바흐 바이헤어러 슈트라세 30

명 세 서

청구범위

청구항 1

센스 가닥 서열 및 안티센스 가닥 서열을 포함하는 siRNA 듀플렉스를 포함하는, 헌팅틴(HTT) 유전자의 발현을 감소시키기 위한 조절 폴리뉴클레오타이드로서,

여기서, 상기 센스 가닥 서열이 서열번호 133, 103 내지 132, 134 내지 167, 169, 170, 172 내지 249의 뉴클레오타이드 서열로부터 적어도 19개 연속 뉴클레오타이드를 포함하고, 상기 안티센스 가닥 서열이 서열번호 9, 3 내지 8, 10 내지 102의 뉴클레오타이드 서열로부터 적어도 19개 연속 뉴클레오타이드를 포함하고,

상기 센스 가닥 서열 및 상기 안티센스 가닥 서열이 적어도 17개 뉴클레오타이드 길이의 상보성 영역을 포함하는, 조절 폴리뉴클레오타이드.

청구항 2

제1항에 있어서, 상기 센스 가닥 서열이 i) 서열번호 133로부터 19개 또는 20개 연속 뉴클레오타이드, 또는 ii) 서열번호 133의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 조절 폴리뉴클레오타이드.

청구항 3

제1항에 있어서, 상기 안티센스 가닥 서열이 i) 서열번호 9로부터 19개 또는 20개 연속 뉴클레오타이드, 또는 ii) 서열번호 9의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 조절 폴리뉴클레오타이드.

청구항 4

제1항에 있어서, 서열번호 133의 센스 가닥 서열 및 서열번호 9의 안티센스 가닥 서열을 포함하는, 조절 폴리뉴클레오타이드.

청구항 5

제1항에 있어서, 상기 센스 가닥 서열 및 상기 안티센스 가닥 서열이 각각 적어도 20개, 21개, 22개 또는 23개 뉴클레오타이드 길이인, 조절 폴리뉴클레오타이드.

청구항 6

제1항에 있어서, 상기 센스 가닥 서열, 상기 안티센스 가닥 서열, 또는 상기 센스 가닥 서열과 안티센스 가닥 서열 둘다가 적어도 1개 또는 2개 뉴클레오타이드의 3' 오버행을 포함하는, 조절 폴리뉴클레오타이드.

청구항 7

제1항에 있어서, 상기 안티센스 가닥 서열이 표적 mRNA 서열에 대해 적어도 1개의 미스매치를 포함하는, 조절 폴리뉴클레오타이드.

청구항 8

제1항에 있어서, i) 제1 플랭킹 영역, ii) 루프 영역, 또는 iii) 제2 플랭킹 영역 중의 하나, 둘, 또는 모두를 추가로 포함하는, 조절 폴리뉴클레오타이드.

청구항 9

제8항에 있어서,

i) 상기 제1 플랭킹 영역이 서열번호 250 내지 256 중의 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열을 포함하거나,

ii) 상기 루프 영역이 서열번호 257 내지 264 중의 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열을 포함하거나,

iii) 상기 제2 플랭킹 영역이 서열번호 265 내지 269 중의 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 조절 폴리뉴클레오타이드.

청구항 10

제8항에 있어서,

i) 상기 제1 플랭킹 영역이 서열번호 250의 뉴클레오타이드 서열을 포함하고,

ii) 상기 루프 영역이 서열번호 258의 뉴클레오타이드 서열을 포함하고,

iii) 상기 제2 플랭킹 영역이 서열번호 265의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 조절 폴리뉴클레오타이드.

청구항 11

제1항 내지 제10항 중의 어느 한 항에 있어서, 상기 조절 폴리뉴클레오타이드가 서열번호 270 내지 346, 353 또는 355 내지 367 중의 어느 하나의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, 조절 폴리뉴클레오타이드.

청구항 12

서열번호 337의 뉴클레오타이드 서열을 포함하는, HTT 유전자의 발현을 감소시키기 위한 조절 폴리뉴클레오타이드.

청구항 13

2개의 역위 말단 반복체 (inverted terminal repeat: ITR) 사이에 위치한 핵산 서열을 포함하는 아데노-관련 바이러스 (adeno-associated virus: AAV) 바이러스 게놈으로서, 여기서, 상기 핵산 서열이 제1항 내지 제10항 및 제12항 중 어느 한 항의 조절 폴리뉴클레오타이드를 암호화하는, 아데노-관련 바이러스 (AAV) 바이러스 게놈.

청구항 14

제13항에 있어서,

i) 상기 조절 폴리뉴클레오타이드를 암호화하는 상기 핵산 서열에 작동하게 결합된 프로모터;

ii) 인핸서;

iii) 인트론 영역; 또는

iv) 폴리 A 시그날 영역

중의 하나, 둘, 셋 또는 모두를 추가로 포함하는, AAV 바이러스 게놈.

청구항 15

제14항에 있어서,

i) 상기 프로모터가 CMV 프로모터, PGK 프로모터, H1 프로모터, T7 프로모터, UBC 프로모터, GUSB 프로모터, NSE 프로모터, 시냅신 프로모터, MeCP2 프로모터, 또는 GFAP 프로모터를 포함하거나;

ii) 상기 인핸서가 CMV 인핸서를 포함하거나; 또는

iii) 상기 인트론이 SV40 인트론을 포함하는, AAV 바이러스 게놈.

청구항 16

제13항의 AAV 바이러스 게놈 및 AAV 캡시드를 포함하는 재조합 아데노-관련 바이러스 (rAAV) 입자.

청구항 17

제16항에 있어서, 상기 AAV 캡시드가 AAV1 캡시드 또는 이의 변이체, AAV5 캡시드 또는 이의 변이체, 또는 AAV9 캡시드 또는 이의 변이체인, rAAV 입자.

청구항 18

제1항 내지 제10항 및 제12항 중의 어느 한 항의 조절 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 벡터.

청구항 19

제16항의 rAAV 입자를 포함하는 세포.

청구항 20

제19항에 있어서, 상기 세포가 포유동물 세포, 중형 돌기 신경세포, 피질 신경세포 또는 성상교세포인, 세포.

청구항 21

제16항의 rAAV 입자 및 약제학적으로 허용되는 부형제를 포함하는, 대상체에서 헌팅턴병 (Huntington's Disease: HD)을 치료하는데 사용하기 위한 약제학적 조성물.

청구항 22

제16항의 rAAV 입자를 포함하는, 대상체에서 중추 신경계 (central nervous system: CNS)의 질환을 치료하는데 사용하기 위한 조성물.

청구항 23

제16항의 rAAV 입자를 포함하는, 세포에서 HTT 유전자의 발현을 저해하는데 사용하기 위한 조성물.

청구항 24

제23항에 있어서, i) 상기 세포가 포유동물 세포, 중형 돌기 신경세포, 피질 신경세포 또는 성상교세포이거나, ii) 상기 세포가 대상체 중에 있거나, 또는 iii) 상기 세포가 포유동물 세포, 중형 돌기 신경세포, 피질 신경세포 또는 성상교세포이고 상기 세포가 대상체 중에 있는 세포인, 조성물.

청구항 25

제24항에 있어서, 상기 대상체가 헌팅턴병(HD)을 갖는, 조성물.

청구항 26

제23항에 있어서, HTT mRNA의 발현이 적어도 45%, 50%, 55%. 60%, 65%, 70%, 75%, 또는 80% 저해되는, 조성물.

청구항 27

제16항의 rAAV 입자를 포함하는, 대상체에서 헌팅턴병(HD)을 치료하는데 사용하기 위한 조성물.

청구항 28

제27항에 있어서, HTT 유전자, mRNA, 단백질 또는 이의 조합물의 발현이 중추 신경계(CNS)의 세포 또는 상기 CNS의 영역에서 저해되는, 조성물.

청구항 29

제28항에 있어서,

i) 상기 CNS의 세포가 신경세포, 중형 돌기 신경세포, 성상교세포, 또는 이의 조합을 포함하거나,

ii) 상기 CNS의 영역이 전뇌 영역, 중뇌 영역, 피핵 영역, 선조체 영역, 피질 영역, 운동 피질 영역, 체성감각 피질 영역, 측두엽 영역, 또는 이의 조합이거나, 또는

iii) 상기 CNS의 영역이 피핵 영역인, 조성물.

청구항 30

제23항에 있어서, 상기 HTT 유전자가 야생형 HTT 유전자, mRNA, 또는 단백질; 적어도 하나의 돌연변이를 포함하는 HTT 유전자, mRNA, 또는 단백질; CAG 반복체를 포함하는 HTT 유전자; 또는 이의 조합을 포함하는, 조성물.

청구항 31

제30항에 있어서, 상기 CAG 반복체를 포함하는 HTT 유전자가 적어도 36 내지 40의 CAG 반복체를 포함하는 CAG-확장된 HTT인, 조성물.

청구항 32

제27항에 있어서, 상기 HD가

i) 소아형 HD;

ii) 조기 HD;

iii) 후기 HD;

iv) 완전 침투성 HD (여기서, HTT 유전자는 적어도 41 이상의 CAG 반복체를 갖는다);

v) 불완전 침투성 HD (여기서, HTT 유전자는 36 내지 40의 CAG 반복체를 갖는다); 또는

vi) 무증상 HD인, 조성물.

청구항 33

제27항에 있어서, HD의 치료가 대상체에서 HD의 증상 개선을 포함하고, 여기서, 상기 증상은 무관심 또는 결단력 부재, 불쾌감, 과민성, 동요 또는 불안증, 불량한 자기-케어, 불량한 판단, 불요성, 억제불능, 우울증, 자살 충동 도취감, 공격성, 망상, 강박, 성욕과다, 환각, 근육긴장이상, 말의 열화, 불분명 발음, 연하 곤란, 체중 손실, 운동완만, 조화운동불능, 인지 기능부전, 불안정 보행 및 불수의 운동, CNS 저하, 또는 이의 조합을 포함하는, 조성물.

청구항 34

제27항에 있어서, 상기 조성물이 정맥내로, 정맥내 투여, 수조내 투여 또는 이들 둘 모두를 통해 투여되는, 조성물.

청구항 35

제27항에 있어서, 상기 조성물이 상기 대상체에게 HD의 치료 또는 예방에 적합한 추가적 치료제와 함께 투여되고, 이때 상기 추가적 치료제가 신경보호제, 도파민-고갈 제제, 테트라베나진, 벤조디아제핀, 클로나제팜, 항경련제, 나트륨 발프로에이트, 레베티라세탐, 레보도파, 골격근 이완제, 바클로펜, 티자니딘, 신경근 접합부에서 아세틸콜린 방출에 대한 저해제, 보툴리늄 독소, 비전형적 신경 이완제, 올란자핀, 쿠에티아핀, 리스페리돈, 설피리드, 할로페리돌, 클로자핀, 아리피프라졸, 크레아틴, 선택적 세로토닌 재흡수 저해제(SSRI), 시탈로프람, 플루옥세틴, 파록세틴, 세르트랄린, 미르타자핀, 벤라팍신, 소피클론(xopiclone), 졸피뎀, 분위기 안정화제, 리튬, IGF-I, GDNF, BDNF, CTNF, VEGF, 콜리벨린, 크살리프로덴, 티로트로핀-방출 호르몬, ADNF, 또는 이의 조합을 포함하는, 조성물.

청구항 36

rAAV 입자를 제조하는 방법으로서, 상기 방법은

i) 제13항의 AAV 바이러스 게놈 및 캡시드 단백질을 암호화하는 핵산을 포함하는 세포를 제공하는 단계; 및

ii) 상기 세포로부터 상기 rAAV 입자를 정제하는 단계를 포함하는, rAAV 입자를 제조하는 방법.

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] **관련 출원의 상호 참조**

[0002] 본 출원은 'Compositions and Methods of Treating Huntington's Disease' 표제의 2016년 5월 18일자로 출원된 미국 가특허 출원 번호 제62/338,113호 및 'compositions and Methods of Treating Huntington's Disease' 표제의 2017년 4월 13일자로 출원된 미국 가특허 출원 제62/485,049호에 대한 우선권을 주장하고, 이의 각각의 내

용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다.

[0003] **서열 목록에 대한 참조**

[0004] 본 출원은 전자 양식의 서열 목록과 함께 제출되었다. 상기 서열 목록은 2017년 5월 18일자로 작성되고 크기가 4,448,026 바이트인 20571035PCT.txt 명칭의 파일로서 제공된다. 상기 전자 양식의 서열 목록 내 정보는 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다.

[0005] **기술 분야**

[0006] 본 발명은 조절 폴리뉴클레오타이드, 예를 들어, 헌팅틴(HTT) 유전자(예를 들어, 야생형 또는 돌연변이된 CAG-확장된 HTT 유전자)를 표적화하는 소형 간섭 RNA(siRNA)를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드의 디자인, 생산, 제조, 용도 및/또는 제형화를 위한 조성물, 방법 및 프로세스에 관한 것이다. 상기 돌연변이된 HTT 유전자의 표적화는 HTT 유전자 발현 및 이에 따른 HTT 단백질 생성을 방해할 수 있다. siRNA 분자를 암호화하는 조절 폴리뉴클레오타이드는 재조합 아데노-관련 바이러스(AAV) 벡터에 삽입될 수 있다. 신경변성 질환(예를 들어, 헌팅톤 질환(HD))를 앓는 대상체에서 HTT 유전자 발현을 저해하기 위해 siRNA 분자를 사용하기 위한 방법이 또한 기재되어 있다.

배 경 기 술

[0007] 헌팅톤 질환(HD)은 진행성 무도병, 신경정신병 및 인지 기능부전을 특징으로 하는, 단일유전자성의 치명적 신경변성 질환이다. 헌팅톤 질환은 이의 N-말단에서 폴리-글루타민 확장된 트랙을 함유하는 헌팅톤 단백질(HTT)을 암호화하는, 헌팅틴(*htt*) 유전자의 엑손 1에서 상염색체 우성 트리플렛(CAG) 반복체 확장에 의해 유발되는 것으로 공지되어 있다. 이러한 반복 확장은 HTT 기능의 독성 획득을 유발하고 궁극적으로 선조체 신경변성을 유발하고 이는 광범위 뇌 위축증으로 진행한다. 증상은 전형적으로 35 내지 44세 사이에 나타나고 질환 발병에 따른 평균 수명은 10 내지 25년이다. 흥미롭게도, CAG 확장의 길이는 발병 연령과 질환 진행 속도와 상호 관련되고 보다 긴 확장은 보다 큰 질환 증증도 및 보다 단축된 생존과 연계된다. 작은 %의 HD 집단(약 6%)에서, 질환 발병은 2 내지 20세에 일어나고 무운동성-경직 증후군이 나타난다. 이들 경우는 보다 이후의 발병 종의 경우 보다 신속히 진행하는 경향이 있고 유년기 또는 베스트팔 변종 HD로서 분류되었다. 미국 및 유럽에서 대략 35,000-70,000명의 환자들이 현재 HD를 앓고 있는 것으로 추정된다. 현재, 단지 증상적 경감 및 유지 치료요법이 HD의 치료를 위해 가용하고 치유는 아직 확인되지 않았다. 궁극적으로, HD를 앓는 개체는 다른 질환(예를 들어, 폐렴, 심부전증), 숨가쁨, 질식 또는 낙상으로부터의 물리적 손상과 같은 합병증에 걸린다.

[0008] CAG 반복체-확장된 *htt*가 신경독성을 유발하는 기전은 잘 이해되지 않고 있다. 헌팅틴 단백질은 모든 세포에서 발현되지만 이의 농도는 뇌에서 최고이다. HTT의 정상 기능은 공지되어 있지 않지만 HD 환자의 뇌에서 HTT는 비정상 핵 봉입체로 응집한다. 현재, 이것은 신경독성을 유발하는 연합 단백질 중간체(즉, 가용성 종 및 독성 N-말단 단편)와 함께 잘못 폴딩되고 응집하는 프로세스인 것으로 사료된다.

[0009] HD의 동물 모델에서의 연구는 예를 들어, 조절된-발현 모델에서 유전자 셧 오프에 따라 표현형 역전이 실행가능함을 시사하였다. 추가로, HTT의 사일런싱이 시험되는 동물 모델은 매우 관용성이고 잠재적 치료학적 이득을 둘 다 보여주는 치료요법과 함께 유망한 결과를 입증하였다. 이들 발견은 HTT 사일런싱이 HD의 치료를 위한 잠재적 치료학적 표적으로서 작용할 수 있음을 지적한다.

[0010] 본 발명은 질환의 치료를 위해 HD 환자에서 폴리글루타민 확장된 HTT의 발현을 저해하거나 예방하기 위한 RNA 간섭 기반 접근법, 신규한 이중 가닥 RNA(dsRNA) 작제물 및 siRNA 작제물 및 이들의 디자인 방법을 개발하였다. 추가로, 이들 신규한 siRNA 작제물은 합성 분자일 수 있거나 세포로의 전달을 위한 발현 벡터(하나 또는 2개의 가닥)에 암호화될 수 있다. 상기 벡터는 아데노-관련 바이러스 벡터, 예를 들어, 임의의 AAV 혈청형의 벡터게놈 또는 렌티바이러스와 같은 다른 바이러스성 전달 비히클 등 을 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

발명의 내용

해결하려는 과제

[0011] 본 발명은 유전자 발현 및 단백질 생성에 대한 RNA 분자-매개된 유전자 특이적 간섭에 관한 것이다. 헌팅톤 질환과 같은 신경변성 질환을 치료하기 위한 방법은 또한 본 발명에 포함된다. 본원에서 특성화된 조성물에 포함되는 siRNA는 돌연변이된 HTT 유전자의 mRNA 전사체의 적어도 일부에 실질적으로 상보적인 안티센스 가닥(즉 30

개 이하의 뉴클레오타이드, 일반적으로 19 내지 24개 길이의 뉴클레오타이드)을 갖는 dsRNA를 포함한다.

[0012] 본 발명은 HTT 유전자 발현 및/또는 HTT 단백질 생성을 방해하기 위해 HTT mRNA를 표적화하는 소형 간섭 RNA(siRNA) 듀플렉스와 같은 짧은 이중 가닥 RNA 분자를 제공한다. 본 발명의 siRNA 듀플렉스는 HTT 유전자를 방해할 수 있고 특히 헌팅톤 질환을 유발하는 돌연변이를 갖는 HTT 유전자와 상호작용할 수 있다.

과제의 해결 수단

[0013] 일부 구현예에서, 상기 siRNA 분자 또는 상기 siRNA 분자의 단일 가닥은 세포, 구체적으로 중추신경계 내 선조체 또는 피질 신경세포 및/또는 다른 이웃하는 세포에 도입될(AAV) 아데노-관련 바이러스 벡터에 삽입된다. AAV 벡터는 1, 2, 3, 4, 또는 4개 초과의 siRNA 듀플렉스를 암호화하는 서열을 포함할 수 있다.

[0014] 본 발명의 siRNA 듀플렉스는, 함께 하이브리드화하여 듀플렉스 구조를 형성하는 안티센스 가닥 및 센스 가닥을 포함하고, 여기서, 상기 안티센스 가닥은 HTT 유전자의 핵산 서열에 상보적이고, 상기 센스 가닥은 HTT 유전자의 핵산 서열과 상동성이다. 일부 양상에서, 안티센스 가닥의 5' 말단은 5’ 포스페이트 그룹을 갖고 센스 가닥의 3' 말단은 3' 하이드록실 그룹을 함유한다. 다른 양상에서, 각각의 가닥의 3' 말단에는 부재이거나 1개 또는 2개의 뉴클레오타이드 오버행이 있다.

[0015] 본 발명에 따르면, HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 듀플렉스의 각각의 가닥은 약 19 내지 25개 길이의 뉴클레오타이드, 바람직하게 약 19개 길이의 뉴클레오타이드, 20개 길이의 뉴클레오타이드, 21개 길이의 뉴클레오타이드, 22개 길이의 뉴클레오타이드, 23개 길이의 뉴클레오타이드, 24개 길이의 뉴클레오타이드 또는 25개 길이의 뉴클레오타이드이다. 일부 양상에서, siRNA는 비변형된 RNA 분자일 수 있다.

[0016] 다른 양상에서, siRNA는 적어도 하나의 변형된 뉴클레오타이드, 예를 들어, 염기, 당 또는 골격 변형을 함유할 수 있다.

[0017] 하나의 구현예에서, siRNA 또는 dsRNA는 서로 상보적인 적어도 2개의 서열을 포함한다. dsRNA는 제1 서열을 갖는 센스 가닥 및 제2 서열을 갖는 안티센스 가닥을 포함한다. 상기 안티센스 가닥은 HTT 단백질을 암호화하는 mRNA의 적어도 일부에 실질적으로 상보적인 뉴클레오타이드 서열을 포함하고, 상기 상보성 영역은 30개 이하 길이의 뉴클레오타이드 및 적어도 15개 길이의 뉴클레오타이드이다. 일반적으로, 상기 dsRNA는 19 내지 24개, 예를 들어, 19 내지 21개 길이의 뉴클레오타이드이다. 일부 구현예에서, dsRNA는 약 15 내지 약 25개 길이의 뉴클레오타이드이고, 다른 구현예에서, 상기 dsRNA는 약 25 내지 약 30개 길이의 뉴클레오타이드이다.

[0018] HTT 단백질을 발현하는 세포와 접촉시 또는 HTT 단백질을 발현하는 세포 내에서 전사시 dsRNA는 본원에 기재된 방법에 의해 분석되는 경우에서와 같이 HTT 유전자의 발현을 적어도 10%, 적어도 20%, 적어도 25%, 적어도 30%, 적어도 35% 또는 적어도 40% 이상까지 저해하거나 억제한다(suppress).

[0019] 본 발명에 따르면, HTT 유전자를 표적화하는, siRNA 듀플렉스, 상기 siRNA 듀플렉스의 하나의 가닥 또는 dsRNA를 암호화하는 핵산을 포함하는 AAV 벡터를 제조하고, 상기 AAV 벡터 혈청형은 AAV1, AAV2, AAV3, AAV4, AAV5, AAV6, AAV7, AAV8, AAV9, AAV9.47, AAV9(hu14), AAV10, AAV11, AAV12, AAVrh8, AAVrh10, AAV-DJ8, AAV-DJ, AAV-PHP.A(PHP.A), 및/또는 AAV-PHP.B(PHP.B), 및 이들의 변이체일 수 있다. 비-제한적인 예로서, AAV 벡터 혈청형은 AAV1이다. 또 다른 비-제한적인 예로서, AAV 혈청형은 AAV-DJ8이다. 또 다른 비-제한적인 예로서, AAV 혈청형은 AAV-PHP.A(PHP.A)이다. 또 다른 비-제한적인 예로서, AAV 혈청형은 AAV-PHP.B(PHP.B)이다.

[0020] 하나의 구현예에서, HTT 유전자를 표적화하는, siRNA 듀플렉스, 상기 siRNA 듀플렉스의 하나의 가닥 또는 dsRNA를 암호화하는 핵산을 포함하는 AAV 벡터가 제조되고, 중형 돌기 선조체 신경세포, 피질 신경세포 및/또는 성상교 세포에 대한 트로피즘(tropism)을 기준으로 선택될 수 있다. 비-제한적인 예로서, 상기 AAV 벡터는 이에 제한되지 않지만 중형 돌기 선조체 신경세포, 피질 신경세포 및/또는 성상교세포와 같은 목적하는 세포 유형에서 발현 수준을 기준으로 선택된다.

[0021] 본 발명에 따라, HD에서 HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 듀플렉스 또는 dsRNA는 표 3, 4 또는 5에 열거된 siRNA 듀플렉스로부터 선택된다. 바람직하게, HD에서 HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 듀플렉스 또는 dsRNA는 siRNA 듀플렉스로 이루어진 그룹으로부터 선택된다: D-3500 내지 D-3570.

[0022] 본 발명은 또한 HTT 유전자를 표적화하는 적어도 하나의 siRNA 듀플렉스 및 약제학적으로 허용되는 담체를 포함하는 약제학적 조성물을 제공한다. 일부 양상에서, siRNA 듀플렉스를 암호화하는 핵산 서열은 AAV 벡터에 삽입된다.

[0023] 일부 구현예에서, 본 발명은 세포에서 HTT 유전자 발현을 저해하고/사일런싱하기 위한 방법을 제공한다. 따라서, 상기 siRNA 듀플렉스 또는 dsRNA를 사용하여 세포에서 HTT 유전자 발현을 실질적으로 저해할 수 있다. 상기 세포는 신경세포 (예를 들어, 피핵(putamen), 미상(caudate) 또는 선조체의 중형 돌기 신경세포, 및 대뇌 피질에서 피질 신경세포), 성상교세포(예를 들어, 선조체에서 성상교세포, 대뇌 피질에서 피질 성상교세포) 및/또는 희소돌기아교세포일 수 있다. 비-제한적인 예로서, 피핵, 미상 및 피질에서 HTT 유전자 발현의 저해(또는 저하)는 대상체에서 헌팅톤 질환의 효과를 감소시킨다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 선조체내 중형 돌기 신경세포에서의 HTT 유전자 발현의 저해 (또는 저하)는 대상체에서 헌팅톤 질환의 효과를 감소시킨다. 여전히 또 다른 비제한적인 예로서, 선조체내 성상교세포에서의 HTT 유전자 발현의 저해 (또는 저하)는 대상체에서 헌팅톤 질환의 효과를 감소시킨다. 일부 양상에서, HTT 유전자 발현의 저해는 적어도 약 20% 까지, 바람직하게 적어도 약 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%까지의 저해 또는 저하를 언급한다. 따라서, 표적화된 유전자의 단백질 생성물은 적어도 약 20% 까지, 바람직하게 적어도 약 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%까지 저해될 수 있다.

[0024] 하나의 구현예에서, 본 발명은 HTT 유전자 발현을 siRNA 듀플렉스 또는 dsRNA를 사용하여 세포에서 적어도 약 40%까지 저해하고/사일런싱하기 위한 방법을 제공한다. 상기 세포는 신경세포(예를 들어, 피핵 또는 선조체의 중형 돌기 신경세포, 및 대뇌 피질에서 피질 신경세포), 성상교세포(예를 들어, 선조체에서 성상교세포, 대뇌 피질에서 피질 성상교세포) 및/또는 희소돌기아교세포일 수 있다. 비-제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 HTT 유전자 발현의 적어도 40% 저해 (또는 저하)는 대상체에서 헌팅톤 질환의 효과를 감소시킨다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 선조체내 중형 돌기 신경세포에서의 HTT 유전자 발현의 적어도 40% 저해 (또는 저하)는 대상체에서 헌팅톤 질환의 효과를 감소시킨다. 또 다른 비-제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 유전자 발현의 적어도 40% 저해 (또는 저하) 및 피질에서 HTT 유전자 발현의 적어도 20% 저해 (또는 저하)는 대상체에서 헌팅톤 질환의 효과를 감소시킨다. 여전히 또 다른 비제한적인 예로서, 선조체내 성상교세포에서의 HTT 유전자 발현의 적어도 40% 저해 (또는 저하)는 대상체에서 헌팅톤 질환의 효과를 감소시킨다.

[0025] 일부 구현예에서, 본 발명은 치료를 필요로 하는 대상체에서 HTT 유전자(예를 들어, CAG-확장된 HTT 유전자) 및 이에 따른 HTT 단백질(예를 들어, 폴리-Q 단백질)과 관련된 헌팅톤 질환을 치료하거나 개선시키기 위한 방법을 제공하고, 상기 방법은 상기 대상체에서 HTT 유전자(예를 들어, CAG-확장된 HTT 유전자)를 표적화하는 약제학적 유효량의 적어도 하나의 siRNA 듀플렉스를 투여하고, 상기 siRNA 듀플렉스를 표적화된 세포로 전달하고, HTT 유전자(예를 들어, CAG-확장된 HTT 유전자) 발현 및 이에 따른 단백질 생성을 저해하고, 대상체에서 HD의 증상을 개선시킴을 포함한다.

[0026] 일부 구현예에서, HTT 유전자를 표적화하는 적어도 하나의 siRNA 듀플렉스를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 HD를 치료하고/하거나 개선시킬 필요가 있는 대상체에게 투여된다. AAV 벡터 혈청형은 AAV1, AAV2, AAV3, AAV4, AAV5, AAV6, AAV7, AAV8, AAV9, AAV9.47, AAV9(hu14), AAV10, AAV11, AAV12, AAVrh8, AAVrh10, AAV-DJ8, AAV-DJ, AAV-PHP.A(PHP.A), 및/또는 AAV-PHP.B(PHP.B) 및 이들의 변이체로 이루어진 그룹으로부터 선택될 수 있다.

[0027] 일부 구현예에서, HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 듀플렉스 또는 dsRNA 또는 상기 siRNA-암호화 분자를 포함하는 AAV 벡터는 예를 들어, 두개내 주사에 의해 대상체의 중추 신경계에 직접 도입될 수 있다.

[0028] 일부 구현예에서, 본 발명의 약제학적 조성물은 단독 치료요법으로서 사용된다. 다른 구현예에서, 본 발명의 약제학적 조성물은 조합 치료요법으로 사용된다. 조합 치료요법은 신경세포 변성에 대한 이들의 신경보호 효과에 대해 시험된 소분자 화합물, 성장 인자 및 호르몬과 같은 하나 이상의 신경보호제와 조합될 수 있다.

[0029] 일부 구현예에서, 본 발명은 치료를 필요로 하는 대상체에 본원에 기재된 치료학적 유효량의 플라스미드 또는 AAV 벡터를 투여함에 의해 헌팅톤 질환을 치료하거나 개선시키기 위한 방법을 제공한다.

[0030] 일부 구현예에서, 본 발명은 대상체에 핵산 서열이 2개의 역위 말단 반복체(ITR) 사이에 위치하는 적어도 하나의 아데노-관련 바이러스(AAV) 벡터를 갖는 조성물을 투여함에 의해 대상체의 중추 신경계의 영역에서 HTT 유전자의 발현을 저해하기 위한 방법을 제공한다. 2개의 역위 말단 반복체 (ITR) 사이의 핵산 서열 위치는, 발현되는 경우 대상체에서 HTT의 발현을 저해하거나 억제하는 siRNA 듀플렉스를 형성할 수 있는 안티센스 가닥과 센스 가닥을 포함할 수 있다. 상기 발현은 이에 제한되지 않지만 대상체의 전뇌와 같은 대상체의 영역, 또는 이에 제한되지 않지만 피핵과 같은 전뇌 영역에서 감소될 수 있다. 전뇌에서 또는 전뇌의 영역(예를 들어, 피핵)에서 HTT의 발현은 40-70%, 40-60%, 50-70%, 50-60%까지 감소될 수 있거나 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%,

57%, 58%, 59%, 또는 60%까지 감소될 수 있다.

[0031] 일부 구현예에서, 본 발명은 치료를 필요로 하는 대상체에서 헌팅톤 질환(HD)을 치료하기 위한 방법을 제공한다. 상기 방법은 대상체에 핵산 서열이 2개의 역위 말단 반복체(ITR) 사이에 위치하는 적어도 하나의 아데노-관련 바이러스(AAV) 벡터를 포함하는 조성물을 투여함을 포함하는, 대상체의 중추 신경계의 영역에서 HTT 유전자의 발현을 저해할 수 있다. 상기 핵산 서열은, 발현되는 경우 대상체에서 HTT의 발현을 저해하거나 억제하는 siRNA 듀플렉스를 형성할 수 있는 안티센스 가닥과 센스 가닥을 포함할 수 있다. 상기 발현은 이에 제한되지 않지만 대상체의 전뇌와 같은 대상체의 영역, 또는 이에 제한되지 않지만 피핵과 같은 전뇌 영역에서 감소될 수 있다. 전뇌에서 또는 전뇌의 영역(예를 들어, 피핵)에서 HTT의 발현은 40-70%, 40-60%, 50-70%, 50-60%까지 감소될 수 있거나 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 또는 60%까지 감소될 수 있다.

발명의 효과

[0032] 본 발명은 HTT 발현을 억제하는데 있어서 높은 효능을 갖는다. 특히 본 발명은 시험관내 신경세포에서 뿐만 아니라, 생체내에서도 탁월한 억제 활성을 나타낸다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0033] 본 발명은 조절 폴리뉴클레오타이드, 예를 들어, 치료학적 제제로서 RNA 또는 DNA 분자에 관한 것이다. RNA 간섭 매개된 유전자 사일런싱은 표적화된 유전자 발현을 특이적으로 저해할 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은, "조절 폴리뉴클레오타이드"는 표적 유전자의 수준 또는 양, 예를 들어 mRNA 또는 단백질 수준을 조절 (증가시키거나 감소시키는)하는 기능을 하는 임의의 핵산 서열(들)이다. 이어서 본 발명은 HTT 유전자를 표적화하는 소형 이중 가닥 RNA(dsRNA) 분자 (소형 간섭 RNA, siRNA), 상기 siRNA를 포함하는 약제학적 조성물, 및 이들의 디자인의 프로세스를 제공한다. 본 발명은 또한 HTT 유전자 발현 및 단백질 기능을 저해하기 위한, 신경변성 질환, 특히 헌팅톤 질환(HD)을 치료하기 위한 이들의 사용 방법을 제공한다.

[0034] 본 발명은 HTT 유전자 발현 및/또는 HTT 단백질 생성을 방해하기 위해 HTT mRNA를 표적화하는 소형 간섭 RNA(siRNA) 듀플렉스 (및 이들을 암호화하는 조절 폴리뉴클레오타이드)를 제공한다.

[0035] 일부 구현예에서, 상기 siRNA 분자 또는 상기 siRNA 분자의 단일 가닥을 암호화하는 핵산 서열은 아데노-관련 바이러스 벡터에 삽입되고 세포, 구체적으로 중추신경계 내 신경세포 및/또는 다른 이웃하는 세포에 도입된다.

[0036] 본 발명의 암호화된 siRNA 듀플렉스는 함께 하이브리드화하여 듀플렉스 구조를 형성하는 안티센스 가닥 및 센스 가닥을 포함하고, 여기서, 상기 안티센스 가닥은 표적화된 HTT 유전자의 핵산 서열에 상보적이고, 상기 센스 가닥은 표적화된 HTT 유전자의 핵산 서열과 상동성이다. 일부 양상에서, 안티센스 가닥의 5' 말단은 5' 포스페이트 그룹을 갖고 센스 가닥의 3' 말단은 3' 하이드록실 그룹을 함유한다. 다른 양상에서, 각각의 가닥의 3' 말단에는 부재이거나 1개 또는 2개의 뉴클레오타이드 오버행이 있다.

[0037] 본 발명에 따르면, HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 듀플렉스의 각각의 가닥은 약 19 내지 25개, 19 내지 24개 또는 19 내지 21개 길이의 뉴클레오타이드, 바람직하게 약 19개 길이의 뉴클레오타이드, 20개 길이의 뉴클레오타이드, 21개 길이의 뉴클레오타이드, 22개 길이의 뉴클레오타이드, 23개 길이의 뉴클레오타이드, 24개 길이의 뉴클레오타이드 또는 25개 길이의 뉴클레오타이드이다. 일부 양상에서, siRNA는 비변형된 RNA 분자일 수 있다.

[0038] 다른 양상에서, siRNA는 적어도 하나의 변형된 뉴클레오타이드, 예를 들어, 염기, 당 또는 골격 변형을 함유할 수 있다.

[0039] 하나의 구현예에서, siRNA 또는 dsRNA는 서로 상보적인 적어도 2개의 서열을 포함한다. dsRNA는 제1 서열을 갖는 센스 가닥 및 제2 서열을 갖는 안티센스 가닥을 포함한다. 상기 안티센스 가닥은 HTT를 암호화하는 mRNA의 적어도 일부에 실질적으로 상보적인 뉴클레오타이드 서열을 포함하고, 상기 상보성 영역은 30개 이하 길이의 뉴클레오타이드 및 적어도 15개 길이의 뉴클레오타이드이다. 일반적으로, 상기 dsRNA는 19 내지 25개, 19 내지 24개 또는 19 내지 21개 길이의 뉴클레오타이드이다. 일부 구현예에서, dsRNA는 약 15 내지 약 25개 길이의 뉴클레오타이드이고, 다른 구현예에서, 상기 dsRNA는 약 25 내지 약 30개 길이의 뉴클레오타이드이다.

[0040] 직접적으로 투여되거나 발현 벡터에 암호화되어 있든 상관 없이 HTT 단백질을 발현하는 세포와 접촉시 dsRNA는 본원에 기재된 방법에 의해 분석되는 경우에서와 같이 HTT 단백질의 발현을 적어도 10%, 적어도 20%, 적어도 25%, 적어도 30%, 적어도 35% 또는 적어도 40% 이상까지 저해한다.

[0041] 본원에서 특성화된 조성물에 포함되는 siRNA 분자는 HTT 유전자의 mRNA 전사체의 적어도 일부에 실질적으로 상

보적인 안티센스 가닥(즉 30개 이하의 뉴클레오타이드, 일반적으로 19 내지 25개, 19 내지 24개 또는 19 내지 21개 길이의 뉴클레오타이드의 영역을 갖는 안티센스 가닥)을 갖는 dsRNA를 포함한다.

[0042] 본 발명에 따라, HTT 유전자를 표적화하는, siRNA 듀플렉스, 상기 siRNA 듀플렉스의 하나의 가닥 또는 dsRNA의 핵산을 포함하는 AAV 벡터를 제조하고, 상기 AAV 벡터 혈청형은 AAV1, AAV2, AAV3, AAV4, AAV5, AAV6, AAV7, AAV8, AAV9, AAV9.47, AAV9(hu14), AAV10, AAV11, AAV12, AAVrh8, AAVrh10, AAV-DJ8, AAV-DJ, AAV-PHP.A(PHP.A), 및/또는 AAV-PHP.B(PHP.B), 및 이들의 변이체일 수 있다.

[0043] 본 발명에 따라, HD에서 HTT 유전자를 표적화하는 암호화된 siRNA 듀플렉스 또는 dsRNA는 표 7 또는 표 8에 열거된 siRNA 듀플렉스로부터 선택된다. 일부 구현예에서, HD에서 HTT를 표적화하는 siRNA 듀플렉스 또는 dsRNA는 D-3500 내지 D-3570이다.

[0044] 본 발명은 또한 HTT 유전자를 표적화하는 적어도 하나의 siRNA 듀플렉스 및 약제학적으로 허용되는 담체를 포함하는 약제학적 조성물을 제공한다. 일부 양상에서, siRNA 듀플렉스는 AAV 벡터에 의해 암호화되어 있다.

[0045] 일부 구현예에서, 본 발명은 세포에서 HTT 유전자 발현을 저해하고/사일런싱하기 위한 방법을 제공한다. 따라서, 상기 siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA를 사용하여 세포, 특히 신경세포에서 HTT 유전자 발현을 실질적으로 저해할 수 있다. 일부 양상에서, HTT 유전자 발현의 저해는 적어도 약 15% 까지, 예를 들어, 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 55-60%, 55-70%, 55-80%, 55-90%, 55-95%, 55-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지의 저해를 언급한다. 따라서, 표적화된 유전자의 단백질 생성물은 적어도 약 15% 까지, 바람직하게, 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지의 저해를 언급한다.

[0046] 일부 구현예에서, 본 발명은 세포, 특히 중형 돌기 신경세포에서 HTT 유전자 발현을 저해하고/사일런싱하기 위한 방법을 제공한다. 일부 양상에서, HTT 유전자 발현의 저해는 적어도 약 15% 까지, 예를 들어, 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 55-60%, 55-70%, 55-80%, 55-90%, 55-95%, 55-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지의 저해를 언급한다. 따라서, 표적화된 유전자의 단백질 생성물은 적어도 약 15% 까지, 바람직하게, 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-

90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 55-60%, 55-70%, 55-80%, 55-90%, 55-95%, 55-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지의 저해를 언급한다.

[0047] 일부 구현예에서, 본 발명은 세포, 특히 운동 신경세포에서 유전자 발현을 저해하고/사일런싱하기 위한 방법을 제공한다. 일부 양상에서, 유전자 발현의 저해는 적어도 약 15% 까지, 예를 들어, 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 55-60%, 55-70%, 55-80%, 55-90%, 55-95%, 55-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지의 저해를 언급한다. 따라서, 표적화된 유전자의 단백질 생성물은 적어도 약 15% 까지, 바람직하게, 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 55-60%, 55-70%, 55-80%, 55-90%, 55-95%, 55-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지의 저해를 언급한다.

[0048] 일부 구현예에서, 본 발명은 세포, 특히 성상교세포에서 HTT 유전자 발현을 저해하고/사일런싱하기 위한 방법을 제공한다. 일부 양상에서, HTT 유전자 발현의 저해는 적어도 약 15% 까지, 예를 들어, 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 55-60%, 55-70%, 55-80%, 55-90%, 55-95%, 55-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지의 저해를 언급한다. 따라서, 표적화된 유전자의 단백질 생성물은 적어도 약 15% 까지, 바람직하게, 적어도 약 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 55-60%, 55-70%, 55-80%, 55-90%, 55-95%, 55-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지의 저해를 언급한다.

[0049] 하나의 구현예에서, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA를 사용하여 HTT 단백질의 발현을 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%,

77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 55-60%, 55-70%, 55-80%, 55-90%, 55-95%, 55-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지 감소시킬 수 있다. 비제한적인 예로서, HTT 단백질의 발현은 50-90%까지 감소될 수 있다. 비제한적인 예로서, HTT 단백질의 발현은 30-70%까지 감소될 수 있다. 비제한적인 예로서, 단백질의 발현은 20-70%까지 감소될 수 있다. 비제한적인 예로서, 단백질의 발현은 15-30%까지 감소될 수 있다.

[0050] 하나의 구현예에서, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA를 사용하여 HTT mRNA의 발현을 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 55-60%, 55-70%, 55-80%, 55-90%, 55-95%, 55-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지 감소시킬 수 있다. 비제한적인 예로서, HTT mRNA의 발현은 50-90%까지 감소될 수 있다. 비제한적인 예로서, HTT mRNA의 발현은 30-70%까지 감소될 수 있다. 비제한적인 예로서, HTT mRNA의 발현은 20-70%까지 감소될 수 있다. 비제한적인 예로서, HTT mRNA의 발현은 15-30%까지 감소될 수 있다.

[0051] 하나의 구현예에서, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA를 사용하여 이에 제한되지 않지만 중뇌와 같은 CNS의 적어도 하나의 영역에서 HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시킬 수 있다. HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 CNS의 적어도 하나의 영역에서 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 55-60%, 55-70%, 55-80%, 55-90%, 55-95%, 55-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-90%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 20-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 15-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 30-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 20-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 15-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 20-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 15-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 51%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 52%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 53%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 54%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 55%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질

및 mRNA의 발현은 56%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 57%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 58%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 59%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 60%까지 감소된다.

[0052] 하나의 구현예에서, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA를 사용하여 이에 제한되지 않지만 전뇌와 같은 CNS의 적어도 하나의 영역에서 HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시킬 수 있다. HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 CNS의 적어도 하나의 영역에서 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 55-60%, 55-70%, 55-80%, 55-90%, 55-95%, 55-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-90%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 30-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 20-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 15-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 15-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 20-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 51%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 52%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 53%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 54%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 55%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 56%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 57%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 58%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 59%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 61%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 62%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 63%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 64%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 65%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 66%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 67%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 68%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 69%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 선조체 및/또는 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 70%까지 감소된다.

[0053] 하나의 구현예에서, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA를 사용하여 피핵에서 HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시킬 수 있다. HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 CNS의 적어도 하나의 영역에서 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-

40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 55-60%, 55-70%, 55-80%, 55-90%, 55-95%, 55-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 51%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 52%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 53%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 54%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 55%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 56%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 57%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 58%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 59%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 단백질 및 mRNA의 발현은 61%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 단백질 및 mRNA의 발현은 62%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 단백질 및 mRNA의 발현은 63%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 단백질 및 mRNA의 발현은 64%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 단백질 및 mRNA의 발현은 65%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 단백질 및 mRNA의 발현은 66%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 단백질 및 mRNA의 발현은 67%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 단백질 및 mRNA의 발현은 68%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 단백질 및 mRNA의 발현은 69%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 단백질 및 mRNA의 발현은 70%까지 감소된다.

[0054] 하나의 구현예에서, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA를 사용하여 피핵에서 HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시킬 수 있다. HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 30-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 20-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 15-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 적어도 30%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 51%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 52%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 53%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 54%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 55%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 56%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 57%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 58%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 59%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 61%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 62%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 63%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 64%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 65%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에

서 단백질 및 mRNA의 발현은 66%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 67%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 68%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 69%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 70%까지 감소된다.

[0055] 하나의 구현예에서, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA를 사용하여 운동 피질에서 HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시킬 수 있다. HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 30-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 20-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 15-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 적어도 30%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 51%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 52%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 53%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 54%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 55%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 56%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 57%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 58%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 59%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 61%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 62%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 63%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 64%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 65%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 66%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 67%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 68%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 69%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 운동 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 70%까지 감소된다.

[0056] 하나의 구현예에서, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA를 사용하여 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시킬 수 있다. HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 30-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 20-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 15-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 적어도

30%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 51%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 52%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 53%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 54%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 55%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 56%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 57%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 58%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 59%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 61%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 62%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 63%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 64%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 65%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 66%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 67%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 68%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 69%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 체성감각 피질에서 단백질 및 mRNA의 발현은 70%까지 감소된다.

[0057] 하나의 구현예에서, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA를 사용하여 측두엽에서 HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현을 감소시킬 수 있다. HTT 단백질 및/또는 mRNA의 발현은 적어도 약 15%, 16%, 17%, 18%, 19%, 20%, 21%, 22%, 23%, 24%, 25%, 26%, 27%, 28%, 29%, 30%, 31%, 32%, 33%, 34%, 35%, 36%, 37%, 38%, 39%, 40%, 41%, 42%, 43%, 44%, 45%, 46%, 47%, 48%, 49%, 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 15-20%, 15-30%, 15-40%, 15-50%, 15-60%, 15-70%, 15-80%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 30-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 20-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 15-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 적어도 30%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 40-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-70%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50-60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 50%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 51%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 52%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 53%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 54%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 55%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 56%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 57%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 58%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 59%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 HTT 단백질 및 mRNA의 발현은 60%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 단백질 및 mRNA의 발현은 61%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 단백질 및 mRNA의 발현은 62%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 단백질 및 mRNA의 발현은 63%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 단백질 및 mRNA의 발현은 64%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 단백질 및 mRNA의 발현은 65%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 단백질 및 mRNA의 발현은 66%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 단백질 및 mRNA의 발현은 67%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 단백질 및 mRNA의 발현은 68%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 단백질 및

mRNA의 발현은 69%까지 감소된다. 비제한적인 예로서, 측두엽에서 단백질 및 mRNA의 발현은 70%까지 감소된다.

[0058] 일부 구현예에서, 본 발명은 치료를 필요로 하는 대상체에서 HTT 유전자 및/또는 HTT 단백질과 관련된 헌팅톤 질환을 치료하거나 개선시키기 위한 방법을 제공하고, 상기 방법은 상기 대상체에게 HTT 유전자를 표적화하는 약제학적 유효량의 적어도 하나의 siRNA 듀플렉스 또는 siRNA 듀플렉스를 암호화하는 핵산을 투여하고, 상기 siRNA 듀플렉스 (또는 암호화된 듀플렉스)를 표적화된 세포로 전달하고, HTT 유전자 발현 및 단백질 생성을 저해하고, 대상체에서 HD의 증상을 개선시킴을 포함한다.

[0059] 일부 구현예에서, HTT 유전자를 표적화하는 적어도 하나의 siRNA 듀플렉스의 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 HD를 치료하고/하거나 개선시킬 필요가 있는 대상체에게 투여된다. AAV 벡터 혈청형은 AAV1, AAV2, AAV3, AAV4, AAV5, AAV6, AAV7, AAV8, AAV9, AAV9.47, AAV9(hu14), AAV10, AAV11, AAV12, AAVrh8, AAVrh10, AAV-DJ8 (AAVDJ8), AAV-DJ (AAVDJ), AAV-PHP.A(PHP.A), 및/또는 AAV-PHP.B(PHP.B) 및 이들의 변이체로 이루어진 그룹으로부터 선택될 수 있다. 하나의 구현예에서, AAV 벡터 혈청형은 AAV1이다. 하나의 구현예에서, AAV 벡터 혈청형은 AAV2이다. 또 다른 구현예에서, AAV 벡터 혈청형은 AAV5이다(예를 들어, 문헌(참조: Miniarikova et al. MolTher (2016) 5, e297 and International Publication No. WO2016102664)에 기재된 바와 같이; 이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다). 또 다른 구현예에서, AAV 벡터는 AAV-DJ이다. 또 다른 구현예에서, AAV 벡터 혈청형은 AAV-DJ8이다.

[0060] 하나의 구현예에서, 본 발명에 유용할 수 있는 혈청형은 AAV-DJ8일 수 있다. AAV-DJ8의 아미노산 서열은 헤파린 결합 도메인(HBD)을 제거하기 위해 2개 이상의 돌연변이를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 이의 내용의 전문이 본원에 참조로 인용되는 미국 특허 제7,588,772호에서 서열번호 1로서 기재된 AAV-DJ8 서열은 2개의 돌연변이를 포함할 수 있다: (1) R587Q (여기서, 아미노산 587에서 아르기닌(R; Arg)은 글루타민(Q:Gln)으로 변형된다) 및 (2) R590T (여기서, 아미노산 590에서 아르기닌(R; Arg)은 트레오닌(T; Thr)으로 변형된다). 또 다른 비제한적인 예로서, 3개의 돌연변이를 포함할 수 있다: (1) K406R (여기서, 아미노산 406에서 라이신(K; Lys)은 아르기닌(R;Arg)으로 변형된다), (2) R587Q(여기서, 아미노산 587에서 아르기닌(R; Arg)은 글루타민(Q;Gln)으로 변형된다) 및 (3) R590T (여기서, 아미노산 590에서 아르기닌(R; Arg)은 트레오닌(T; Thr)으로 변형된다).

[0061] 일부 구현예에서, siRNA 분자 또는 상기 siRNA 분자를 포함하는 AAV 벡터는 예를 들어, 피핵으로 주입에 의해 대상체의 중추 신경계에 직접 도입될 수 있다.

[0062] 일부 구현예에서, siRNA 분자 또는 상기 siRNA 분자를 포함하는 AAV 벡터는 예를 들어, 대상체의 시상으로 주입함에 의해 대상체의 중추 신경계에 직접 도입될 수 있다. 이론적으로 구애받지 않으면서, 상기 시상은 헌팅톤 질환을 앓는 대상체에서 상대적으로 공간 여분이 있어 AAV 벡터의 신경돌기 수송을 통한 보다 광범위한 피질 형질도입을 가능하게 함을 의미하는 뇌의 영역이다.

[0063] 일부 구현예에서, siRNA 분자 또는 상기 siRNA 분자를 포함하는 AAV 벡터는 예를 들어, 정맥내 투여에 의해 대상체의 중추 신경계에 간접적으로 도입될 수 있다.

[0064] 일부 구현예에서, siRNA 분자 또는 상기 siRNA 분자를 포함하는 AAV 벡터는 예를 들어, 대상체의 백질으로 주입에 의해 대상체의 중추 신경계에 직접 도입될 수 있다. 이론적으로 구애받지 않으면서, 직접 백질 주입을 통한 분배는 헌팅톤 질환을 앓는 대상체에서 손상되어 AAV 벡터의 보다 많은 수송을 가능하게 할 수 있음을 의미하는 신경돌기 수송 기전에 독립적일 수 있다.

[0065] 일부 구현예에서, 본 발명의 약제학적 조성물은 단독 치료요법으로서 사용된다. 다른 구현예에서, 본 발명의 약제학적 조성물은 조합 치료요법으로 사용된다. 조합 치료요법은 신경세포 변성에 대한 이들의 신경보호 효과에 대해 시험된 소분자 화합물, 성장 인자 및 호르몬과 같은 하나 이상의 신경보호제와 조합될 수 있다.

[0066] 일부 구현예에서, 본 발명은 치료를 필요로 하는 대상체에 본원에 기재된 치료학적 유효량의 플라스미드 또는 AAV 벡터를 투여함에 의해 헌팅톤 질환(HD)을 치료하거나 개선시키기 위한 방법을 제공한다.

[0067] 본 발명의 하나 이상의 구현예의 세부 사항은 하기 첨부된 기재사항에 제시된다. 본원에 기재된 것들과 유사하거나 동등한 임의의 재로 및 방법이 본 발명의 수행 또는 시험에 사용될 수 있지만, 바람직한 재료 및 방법은 지금 기재된다. 본 발명의 다른 특성, 목적 및 이점은 하기 기재내용으로부터 자명해질 것이다. 하기의 기재내용에서, 단수 형태는 또한 달리 명백하게 지적되지 않는 경우 복수를 포함한다. 달리 정의되지 않는 경우, 본원에 사용된 모든 기술적 및 과학적 용어는 본 발명이 속하는 당업계의 기술자가 통상적으로 이해하는 바와 동일한 의미를 갖는다. 모순이 있는 경우, 본원의 개시내용이 제어할 것이다.

[0068] **I. 본 발명의 조성**

[0069] 헌팅톤 질환(HD)

[0070] 헌팅톤 질환(HD)은 진행성 무도병, 신경정신병 및 인지 기능부전을 특징으로 하는, 단일유전자성의 치명적 신경변성 질환이다. 헌팅톤 질환은 이의 N-말단에서 폴리-글루타민 스트레치를 갖는 HTT 단백질을 암호화하는, 헌팅틴(HTT) 유전자에서 상염색체 우성 트리플렛(CAG) 반복체 확장에 의해 유발되는 것으로 공지되어 있다. 본 발명은 HTT 기능의 독성 획득을 유발하고 궁극적으로 선조체 신경변성을 유발하고 이는 광범위 뇌 위축증으로 진행한다. 선조체의 중형 돌기 신경세포는 특히 95% 이하의 상실을 갖는 HD에서 취약할 수 있는 것으로 나타난 반면 사이신경세포는 크게 공간 여분이 있는 것으로 나타난다.

[0071] 헌팅톤 질환은 생활의 질에 중대한 영향을 미친다. 증상은 전형적으로 35 내지 44세 사이에 나타나고 질환 발병에 따른 평균 수명은 10 내지 25년이다. 작은 %의 HD 집단 (약 6%)에서, 질환 발병은 21세 전에 일어나고 무운동성-경직 증후군이 나타난다. 이들 경우는 보다 이후의 발병 종의 경우 보다 신속히 진행하는 경향이 있고 유년기 또는 베스트팔 변종 HD로서 분류되었다. 미국 및 유럽에서 대략 35,000-70,000명의 환자들이 현재 HD를 앓고 있는 것으로 추정된다. 현재, 단지 증상적 경감 및 유지 치료요법이 HD의 치료를 위해 가용하고 치유는 아직 확인되지 않았다. 궁극적으로, HD를 앓는 개체는 폐렴, 심부전증, 또는 낙상으로부터의 물리적 손상과 같은 다른 합병증에 걸린다.

[0072] 이론적으로 국한되지 않으면서, 야생형 HTT 단백질의 기능은 다른 단백질의 복합체를 조직화하기 위한 스캐폴드로서 작용할 수 있다. HTT는 매우 큰 단백질(67 엑손, 3144 아미노산, ~350kDa)이고 이는 광범위 해독후 변형을 진행하고 특히 이의 N-말단에서 다른 단백질과의 상호작용을 위한 많은 부위 (우연히 HD에서 반복체를 갖는 영역)를 갖는다. HTT는 주로 세포질에 위치하고 있지만 핵으로 셔틀되어 여기서 유전자 전사를 조절할 수 있는 것으로 나타났다. 또한 HTT는 소포체 수송 및 RNA 트래픽킹 조절에 특정 역할을 수행하는 것을 시사하였다.

[0073] 비제한적인 예로서, HTT 단백질 서열은 서열번호 1 (NCBI NP_002102.4)이고 HTT 핵산 서열은 서열번호 2 (NCBI NM_002111.7)이다.

[0074] 폴리글루타민-확장된 HTT 단백질이 정상 HTT 기능을 붕괴시켜 신경독성을 유도한다는 기전은 처음에 단상부족 질환인 것으로 사료되었고 이러한 이론은 사람에서 HTT 유전자의 말단 결실이 HD의 발병을 유도하지 않은 것으로 보아 틀렸음이 입증되었고 이는 완전히 발현된 HTT 단백질이 생존에 중요하지 않음을 시사한다. 그러나, 마우스에서 HTT의 조건적 녹아웃은 신경변성을 유도하여 일부 양의 HTT가 세포 생존을 위해 필수적임을 지적한다. 헌팅틴 단백질은 모든 세포에서 발현되지만, 이의 농도는 비정상 HTT의 대형 응집체가 신경세포 핵에서 발견되는 뇌에서 최고이다. HD 환자의 뇌에서, HTT는 비정상 핵 봉입체로 응집한다. 현재, 이것은 신경독성을 유발하는 연합 단백질 중간체(즉, 가용성 종 및 독성 N-말단 단편)와 함께 잘못 폴딩되고 응집하는 과정인 것으로 사료된다. 사실, HD는 9개의 추가의 사람 유전학적 장애의 계열에 속하고 이 모두는 CAG-확장된 유전자 및 이에 따른 폴리글루타민(poly-Q) 단백질 생성물과 사이신경세포 응집체의 후속적 형성을 특징으로 한다. 흥미롭게도, 이들 모든 질환에서, 확장의 길이는 발병 연령과 질환 진행 속도 둘 다와 상호 관련되고 보다 긴 확장은 보다 큰 질환 증증도와 연계된다.

[0075] 폴리글루타민-확장된 HTT 단배길 및 이에 따른 응집체의 신경독성의 근본 이유가되는 분자 기전에 대한 가설은 광범위하지만 카스파제 활성화, 전사 경로의 조절 장애, 반응성 산소 종의 증가된 생성, 미토콘드리아 기능부전, 붕괴된 축색돌기 수송 및/또는 세포 내 단백질 분해 시스템의 저해를 포함한다. 폴리글루타민-확장된 HTT는 기능의 독성 획득을 가질 수 있을 뿐만 아니라 다른 세포 단백질 및 프로세스의 정상 기능을 방해함에 의해 주요 음성 효과를 발휘할 수 있다. HTT는 또한 비-세포 자발적 신경독성에 연루되어 있고, 이에 의해 HTT를 호스팅(hosting)하는 세포는 인근의 다른 신경세포로 HTT를 확산시킨다.

[0076] HD의 동물 모델에서의 연구는 예를 들어, 조절된-발현 모델에서 유전자 셧 오프에 따라 표현형 역전이 실행가능함을 시사하였다. 94-폴리글루타민 반복체 HTT 단백질의 발현이 차단된 마우스 모델에서, 임상적 증후군이 역전되었을 뿐만 아니라 세포내 응집체가 해리되었다. 추가로, HTT의 사일런싱이 시험되는 동물 모델은 매우 관용성이고 잠재적 치료학적 이득을 둘 다 보여주는 치료요법과 함께 유망한 결과를 입증하였다.

[0077] 본 발명은 조절 폴리뉴클레오타이드, 예를 들어, HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 분자 및 이들의 디자인 및 제조 방법을 제공한다. 작동능의 단일 이론에 국한되지 않으면서, 본 발명은 조절 폴리뉴클레오타이드를 제공하고 이는 HTT 발현을 방해하는 siRNA를 포함하고, HTT 돌연변이체 및/또는 야생형 HTT 유전자 발현을 포함한다. 특히, 본 발명은 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 아데노-관련 바이러스(AAV) 벡터와 같

은 바이러스 벡터를 사용한다. 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 선조체의 중형 돌기 신경세포 및 피질 신경세포와 같은 목적하는 신경세포로의 활성제의 전달을 증가시킬 수 있다. HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 듀플렉스 또는 암호화 dsRNA는 세포 내부에서 HTT 유전자 발현(예를 들어, RNA 수준)을 상당히 저해할 수 있고; 따라서, 단백질의 응집 및 봉입체의 형성, 증가된 유리 라디칼, 미토콘드리아 기능부전 및 RNA 대사와 같은 세포 내부에서의 HTT 발현-유도된 스트레스를 개선시킨다.

[0078] HD의 증상은 이에 제한되지 않지만 무도병, 실조증, 운동완만증, 운동실조증, 과민성 및 우울증, 문제-해결 어려움, 사람이 이들의 정상적인 생활 영위에서 기능하는 능력의 감소, 감소된 언어 능력, 및 삼키기 어려움과 같은 CNS 변성에 기인한 특성, 및 이에 제한되지 않지만 체중 손실, 근 손실, 대사 기능장애 및 내분비 외란과 같은 CNS 변성에 기인하지 않은 특성을 포함할 수 있다.

[0079] 상기 siRNA-매개된 HTT 발현 저해는 HD를 치료하기 위해 사용될 수 있다. 본 발명에 따라, 환자에서 HD를 치료하고/하거나 개선하기 위한 방법은 환자에게 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 유효량의 AAV 벡터를 환자에게 세포 내로 투여함을 포함한다. 상기 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터의 투여는 HTT 유전자 발현의 저해/사일런스를 유발하는 siRNA 분자를 암호화한다.

[0080] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 이를 필요로 하는 대상체에서 HTT의 양을 감소시키고 따라서 본원에 기재된 바와 같은 치료학적 이득을 제공한다.

[0081] 하나의 구현예에서, 대상체는 완전히 침투성 HD를 앓고, 여기서, HTT 유전자는 41개 이상의 CAG 반복체(예를 들어, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90개 또는 90개 초과의 CAG 반복체)를 갖는다.

[0082] 하나의 구현예에서, 대상체는 불완전 침투성을 갖고, 여기서, HTT 유전자는 36 내지 40개 CAG 반복체(예를 들어, 36, 37, 38, 39 및 40개 CAG 반복체)를 갖는다.

[0083] 본원에 기재된 siRNA 및 벡터와 함께 사용될 수 있는 헌팅톤 질환을 연구하기 위한 모델 시스템은 세포 모델(예를 들어, 1차 신경세포 및 유도된 만능 줄기 세포), 무척추동물 모델(예를 들어, 드로소필라(*drosophila*) 또는 카에노르하디티스 엘레강스(*caenorhabditis elegans*)), 마우스 모델(예를 들어, YAC128 마우스 모델; R6/2 마우스 모델; BAC, YAC 및 녹-인 마우스 모델), 래트 모델(예를 들어, BAC) 및 대형 포유동물 모델(예를 들어, 돼지, 양 또는 원숭이)을 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0084] 조절 폴리뉴클레오타이드

[0085] 하나의 구현예에서, 조절 폴리뉴클레오타이드, 예를 들어, RNA 또는 DNA 분자는 신경변성 질환, 특히, 헌팅톤 질환(HD)을 치료하기 위해 사용될 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은, "조절 폴리뉴클레오타이드"는 표적 유전자의 수준 또는 양, 예를 들어 mRNA 또는 단백질 수준을 조절(증가시키거나 감소시키는)하는 기능을 하는 임의의 핵산 서열(들)이다.

[0086] 하나의 구현예에서, 조절 폴리뉴클레오타이드는 적어도 하나의 siRNA 분자를 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 핵산은 독립적으로 하나 초과가 있는 경우 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 또는 9개 초과의 siRNA 분자를 암호화할 수 있다.

[0087] *siRNA 분자*

[0088] 본 발명은 신경변성 장애를 치료하기 위한 유전자 발현의 RNA 간섭 (RNAi) 유도된 저해에 관한 것이다. HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA (본원에서 총체적으로 "siRNA 분자"로서 언급됨)가 본원에 제공된다. 상기 siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA는 세포, 예를 들어, 중형 돌기 신경세포, 피질 신경세포 및/또는 성상교세포에서 HTT 유전자 발현을 감소시키거나 사일런싱하여 헌팅톤 질환(HD)의 증상을 개선시킬 수 있다.

[0089] RNAi (또한, 전사 후 유전자 사일런싱(PTGS), 진압(quelling) 또는 동시-억제로서 공지된)는 서열 특이적 방식으로 RNA 분자가 전형적으로 특이적 mRNA 분자의 파괴를 유발함에 의해 유전자 발현을 저해하는 전사후 유전자 사일런싱 과정이다. RNAi의 활성 성분은 소위 소형 간섭 RNA(siRNA)인 짧은/소형 이중 가닥 RNA(dsRNA)이고, 이는 전형적으로 15 내지 30개 뉴클레오타이드(예를 들어, 19 내지 25개, 19 내지 24개 또는 19 내지 21개 뉴클레오타이드) 및 2개 뉴클레오타이드 3' 오버행을 함유하고 표적 유전자의 핵산 서열과 일치한다. 이들 짧은 RNA 종은 천연적으로 보다 큰 dsRNA의 다이서-매개된 절단에 의해 생체내에서 생성될 수 있고 이들은 포유동물 세포

에서 기능한다.

[0090] 마이크로RNA(miRNA)로 호칭되는 천연적으로 발현된 소형 RNA 분자는 mRNA의 발현을 조절함에 의한 유전자 사일런싱을 유발한다. miRNA-함유 RNA 유도된 사일런싱 복합체 (RISC)는 씨드 영역으로 불리우는 miRNA의 5' 영영에서 뉴클레오타이드 2 내지 7과 완전한 서열 상보성 및 이의 3' 영역과 다른 염기 쌍을 제공하는 mRNA를 표적화한다. 유전자 발현의 miRNA-매개된 하향-조절은 표적 mRNA의 절단, 표적 mRNA의 해독 저해 또는 mRNA 쇠퇴에 의해 유발될 수 있다. miRNA 표적화 서열은 일반적으로 표적 mRNA의 3'-UTR에 위치한다. 단일 miRNA는 다양한 유전자 기원의 100개 초과의 전사체를 표적화할 수 있고, 하나의 mRNA는 상이한 miRNA에 의해 표적화될 수 있다.

[0091] 특이적 mRNA를 표적화하는 siRNA 듀플렉스 또는 dsRNA는 시험관내 디자인되고 합성될 수 있고 RNAi 프로세스를 활성화시키기 위해 세포에 도입될 수 있다. 엘바쉬르 등(Elbashir et al.)은 21-뉴클레오타이드 siRNA 듀플렉스(소형 간섭 RNA로 호칭되는)가 포유동물 세포에서 면역 반응을 유도하는것 없이 강력하고 특이적인 유전자 녹다운을 수행할 수 있음을 입증하였다(문헌참조: Elbashir SM et al., *Nature*, 2001, 411, 494-498). 상기 초기 보호 이후, siRNA에 의한 전사 후 유전자 사일런싱은 포유동물 세포에서 유전학적 분석을 위한 강력한 도구로서 부각되었고 새로운 치료제를 제조하기 위한 잠재력을 갖는다.

[0092] 헌팅톤 질환과 같은 폴리-글루타민 확장 질환을 유발하는 폴리-글루타민 반복체 단백질을 암호화하는 핵산 서열에 대해 표적화하도록 디자인된 RNAi 분자는 미국 특허 제9,169,483호 및 제9,181,544호, 및 국제 특허 공개공보 제WO2015179525호에 기재되어 있고, 이의 각각의 내용은 전문이 본원에 참조로 인용된다. 미국 특허 제9,169,483호 및 제9,181,544호 및 국제 특허 공개 공보 제WO2015179525호 각각은 RNA의 제1 가닥(예를 들어, 15개 연속 뉴클레오타이드) 및 RNA의 제2 가닥(예를 들어, 제1 가닥의 적어도 12개 연속 뉴클레오타이드와 상보적인)을 포함하는 단리된 RNA 듀플렉스를 제공하고, 여기서, 상기 RNA 듀플렉스는 길이가 약 15 내지 30개 염기쌍이다. RNA의 제1 가닥 및 RNA의 제2 가닥은 RNA 루프(약 4 내지 50개 뉴클레오타이드)에 의해 작동적으로 연결되어 발현 카세트내 삽입될 수 있는 헤어핀 구조를 형성할 수 있다. 루프 부분의 비제한적인 예는 미국 특허 제9,169,483호의 서열번호 9 내지 14를 포함하고, 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다. 사용될 수 있는 RNA의 비제한적인 예로서 RNA 듀플렉스를 형성하기 위한 서열의 전장 서열 또는 일부는 미국 특허 제9,169,483호의 서열번호 1 내지 8 및 미국 특허 제9,181,544호의 서열번호 1-11, 33-59, 208-210, 213-215 및 218-221을 포함하고, 이의 각각의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다. RNAi 분자의 비제한적인 예는 미국 특허 제9,169,483호의 서열번호 1 내지 8, 미국 특허 제9,181,544호의 서열번호 1-11, 33-59, 208-210, 213-215 및 218-221 및 국제 특허 공개공보 제WO2015179525호의 서열번호 1, 6, 7, 및 35-38을 포함하고, 이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다.

[0093] 시험관내 합성된 siRNA 분자는 RNAi를 활성화하기 위해 세포에 도입될 수 있다. 이것이 세포로 도입되는 경우 내인성 dsRNA와 유사한 외인성 siRNA 듀플렉스는 siRNA 듀플렉스의 2개의 가닥(즉, 안티센스 가닥) 중 하나에 상보적인 RNA 서열과 상호작용하는 다중유닛 복합체인 RNA 유도된 사일런싱 복합체(RISC)를 형성하기 위해 어셈블리될 수 있다. 프로세스 동안에, siRNA의 센스 가닥 (또는 패신저 가닥)은 복합체로부터 소실되고, siRNA의 안티센스 가닥 (또는 가이드 가닥)은 이의 상보적 RNA와 일치한다. 특히, siRNA 함유 RISC 복합체의 표적은 완전한 서열 상보성을 제공하는 mRNA이다. 이어서, siRNA 매개된 유전자 사일런싱은 표적을 절단하고, 방출하고 분해시킴에 의해 일어난다.

[0094] 표적 mRNA와 상동성인 센스 가닥과 표적 mRNA에 상보적인 안티센스 가닥으로 구성된 siRNA 듀플렉스는 단일 가닥 (ss)-siRNA (예를 들어, 안티센스 가닥 RNA 또는 안티센스 올리고뉴클레오타이드)의 사용과 비교하여 표적 RNA 파괴를 위해 효율 측면에서 보다 많은 이점을 제공한다. 많은 경우에, 상응하는 듀플렉스의 효과적인 유전자 사일런싱 효능을 성취하기 위해 보다 높은 농도의 ss-siRNA를 필요로 한다.

[0095] 임의의 이전 분자는 AAV 벡터 또는 벡터 게놈에 의해 암호화될 수 있다.

[0096] *HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 듀플렉스의 디자인 및 서열*

[0097] siRNA를 디자인 하기 위한 일부 가이드라인은 당업계에서 제안되었다. 이들 가이드라인은 일반적으로 사일런스될 유전자 내 영역을 표적화하는, 19-뉴클레오타이드 듀플렉스 영역, 대칭 2-3 뉴클레오타이드 3' 오버행, 5'-포스페이트 3'-하이드록실 그룹을 생성시킴을 추천한다. siRNA 서열 선호도를 지배할 수 있는 다른 법칙은 (i) 안티센스 가닥의 5' 말단에서 A/U; (ii) 센스 가닥의 5' 말단에서 G/C; (iii) 안티센스 가닥의 5' 말단 3분의 1에서 적어도 5개의 A/U 잔기; 및 (iv) 길이가 9개 초과의 뉴클레오타이드인 임의의 GC 스트레치의 부재를 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 상기 고려에 따라, 표적 유전자의 특이적 서열과 함께, 포유동물 표적 유전자 발

현을 억제하기 위해 필수적인, 고도로 효과적인 siRNA 분자는 용이하게 디자인될 수 있다.

[0098] 본 발명에 따라, HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 분자(예를 들어, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA)를 디자인한다. 상기 siRNA 분자는 특이적으로 HTT 유전자 발현 및 단백질 생성을 억제할 수 있다. 일부 양상에서, siRNA 분자는 세포내 HTT 유전자 변이체, 즉 HD 질환을 갖는 환자에서 동정된 돌연변이된 HTT 전사체를 선택적으로 "녹아웃"시키기 위해 디자인되고 사용된다. 일부 양상에서, siRNA 분자는 세포 내 HTT 유전자 변이체를 선택적으로 "녹다운"시키기 위해 디자인되고 사용된다. 다른 양상에서, siRNA 분자는 야생형 및 돌연변이된 HTT 유전자 둘 다를 저해하거나 억제할 수 있다.

[0099] 하나의 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자는 센스 가닥 및 상보적 안티센스 가닥을 포함하고, 여기서 상기 가닥 둘 다는 함께 하이브리드화하여 듀플렉스 구조를 형성한다. 안티센스 가닥은 HTT mRNA 서열에 대해 표적-특이적 RNAi를 지시하기에 충분한 상보성을 갖고, 즉, 상기 siRNA 분자는 RNAi 기구 또는 프로세스에 의해 표적 mRNA의 파괴를 유발하기에 충분한 서열을 갖는다.

[0100] 하나의 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자는 센스 가닥 및 상보적 안티센스 가닥을 포함하고, 여기서, 상기 가닥 둘 다는 함께 하이브리드화하여 듀플렉스 구조를 형성하고 여기서, 상기 HTT mRNA로의 하이브리드화에 대한 개시 부위는 상기 HTT mRNA 서열 상에 뉴클레오타이드 100과 7000 사이에 있다. 비제한적인 예로서, 개시 부위는 HTT mRNA 서열 상의 뉴클레오타이드 100-150, 150-200, 200-250, 250-300, 300-350, 350-400, 400-450, 450-500, 500-550, 550-600, 600-650, 650-700, 700-70, 750-800, 800-850, 850-900, 900-950, 950-1000, 1000-1050, 1050-1100, 1100-1150, 1150-1200, 1200-1250, 1250-1300, 1300-1350, 1350-1400, 1400-1450, 1450-1500, 1500-1550, 1550-1600, 1600-1650, 1650-1700, 1700-1750, 1750-1800, 1800-1850, 1850-1900, 1900-1950, 1950-2000, 2000-2050, 2050-2100, 2100-2150, 2150-2200, 2200-2250, 2250-2300, 2300-2350, 2350-2400, 2400-2450, 2450-2500, 2500-2550, 2550-2600, 2600-2650, 2650-2700, 2700-2750, 2750-2800, 2800-2850, 2850-2900, 2900-2950, 2950-3000, 3000-3050, 3050-3100, 3100-3150, 3150-3200, 3200-3250, 3250-3300, 3300-3350, 3350-3400, 3400-3450, 3450-3500, 3500-3550, 3550-3600, 3600-3650, 3650-3700, 3700-3750, 3750-3800, 3800-3850, 3850-3900, 3900-3950, 3950-4000, 4000-4050, 4050-4100, 4100-4150, 4150-4200, 4200-4250, 4250-4300, 4300-4350, 4350-4400, 4400-4450, 4450-4500, 4500-4550, 4550-4600, 4600-4650, 4650-4700, 4700-4750, 4750-4800, 4800-4850, 4850-4900, 4900-4950, 4950-5000, 5000-5050, 5050-5100, 5100-5150, 5150-5200, 5200-5250, 5250-5300, 5300-5350, 5350-5400, 5400-5450, 5450-5500, 5500-5550, 5550-5600, 5600-5650, 5650-5700, 5700-5750, 5750-5800, 5800-5850, 5850-5900, 5900-5950, 5950-6000, 6000-6050, 6050-6100, 6100-6150, 6150-6200, 6200-6250, 6250-6300, 6300-6350, 6350-6400, 6400-6450, 6450-6500, 6500-6550, 6550-6600, 6600-6650, 6650-6700, 6700-6750, 6750-6800, 6800-6850, 6850-6900, 6900-6950, 6950-7000, 7000-7050, 7050-7100, 7100-7150, 7150-7200, 7200-7250, 7250-7300, 7300-7350, 7350-7400, 7400-7450, 7450-7500, 7500-7550, 7550-7600, 7600-7650, 7650-7700, 7700-7750, 7750-7800, 7800-7850, 7850-7900, 7900-7950, 7950-8000, 8000-8050, 8050-8100, 8100-8150, 8150-8200, 8200-8250, 8250-8300, 8300-8350, 8350-8400, 8400-8450, 8450-8500, 8500-8550, 8550-8600, 8600-8650, 8650-8700, 8700-8750, 8750-8800, 8800-8850, 8850-8900, 8900-8950, 8950-9000, 9000-9050, 9050-9100, 9100-9150, 9150-9200, 9200-9250, 9250-9300, 9300-9350, 9350-9400, 9400-9450, 9450-9500, 9500-9550, 9550-9600, 9600-9650, 9650-9700, 9700-9750, 9750-9800, 9800-9850, 9850-9900, 9900-9950, 9950-10000, 10000-10050, 10050-10100, 10100-10150, 10150-10200, 10200-10250, 10250-10300, 10300-10350, 10350-10400, 10400-10450, 10450-10500, 10500-10550, 10550-10600, 10600-10650, 10650-10700, 10700-10750, 10750-10800, 10800-10850, 10850-10900, 10900-10950, 10950-11000, 11050-11100, 11100-11150, 11150-11200, 11200-11250, 11250-11300, 11300-11350, 11350-11400, 11400-11450, 11450-11500, 11500-11550, 11550-11600, 11600-11650, 11650-11700, 11700-11750, 11750-11800, 11800-11850, 11850-11900, 11900-11950, 11950-12000, 12000-12050, 12050-12100, 12100-12150, 12150-12200, 12200-12250, 12250-12300, 12300-12350, 12350-12400, 12400-12450, 12450-12500, 12500-12550, 12550-12600, 12600-12650, 12650-12700, 12700-12750, 12750-12800, 12800-12850, 12850-12900, 12900-12950, 12950-13000, 13050-13100, 13100-13150, 13150-13200, 13200-13250, 13250-13300, 13300-13350, 13350-13400, 13400-13450, 및 13450-13500 사이일 수 있다. 여전히 또 다른 비제한적인 예로서, 개시 부위는 HTT mRNA 서열 상의 뉴클레오타이드 315, 316, 317, 318, 319, 320, 321, 322, 323, 324, 325, 326, 327, 328, 329, 330, 331, 332, 333, 334, 335, 336, 337, 338, 339, 340, 341, 342, 343, 344, 345, 346, 347, 348, 349, 350, 595, 596, 597, 598, 599, 600, 601, 602, 603, 604, 605, 606, 607, 608, 609, 610, 611, 612, 613, 614, 615, 616, 617, 618, 619, 620, 621, 622, 623, 624, 625, 715, 716, 717, 718, 719, 720, 721, 722, 723, 724, 725, 875, 876,

877, 878, 879, 880, 881, 882, 883, 884, 885, 886, 887, 888, 889, 890, 891, 892, 893, 894, 895, 896, 897, 898, 899, 900, 1375, 1376, 1377, 1378, 1379, 1380, 1381, 1382, 1383, 1384, 1385, 1386, 1387, 1388, 1389, 1390, 1391, 1392, 1393, 1394, 1395, 1396, 1397, 1398, 1399, 1400, 1401, 1402, 1403, 1404, 1405, 1406, 1407, 1408, 1409, 1410, 1411, 1412, 1413, 1414, 1415, 1416, 1417, 1418, 1419, 1420, 1421, 1422, 1423, 1424, 1425, 1426, 1427, 1428, 1429, 1430, 1431, 1432, 1433, 1434, 1435, 1436, 1437, 1438, 1439, 1440, 1441, 1442, 1443, 1444, 1445, 1446, 1447, 1448, 1449, 1450, 1660, 1661, 1662, 1663, 1664, 1665, 1666, 1667, 1668, 1669, 1670, 1671, 1672, 1673, 1674, 1675, 2050, 2051, 2052, 2053, 2054, 2055, 2056, 2057, 2058, 2059, 2060, 2061, 2062, 2063, 2064, 2065, 2066, 2067, 2068, 2069, 2070, 2071, 2072, 2073, 2074, 2075, 2076, 2077, 2078, 2079, 2080, 2081, 2082, 2083, 2084, 2085, 2086, 2087, 2088, 2089, 2090, 2091, 2092, 2093, 2094, 2095, 2096, 2097, 2098, 2099, 2100, 2580, 2581, 2582, 2583, 2584, 2585, 2586, 2587, 2588, 2589, 2590, 2591, 2592, 2593, 2594, 2595, 2596, 2597, 2598, 2599, 2600, 2601, 2602, 2603, 2604, 2605, 4525, 4526, 4527, 4528, 4529, 4530, 4531, 4532, 4533, 4534, 4535, 4536, 4537, 4538, 4539, 4540, 4541, 4542, 4543, 4544, 4545, 4546, 4547, 4548, 4549, 4550, 4575, 4576, 4577, 4578, 4579, 4580, 4581, 4582, 4583, 4584, 4585, 4586, 4587, 4588, 4589, 4590, 4591, 4592, 4593, 4594, 4595, 4596, 4597, 4598, 4599, 4600, 4850, 4851, 4852, 4853, 4854, 4855, 4856, 4857, 4858, 4859, 4860, 4861, 4862, 4863, 4864, 4865, 4866, 4867, 4868, 4869, 4870, 4871, 4872, 4873, 4874, 4875, 4876, 4877, 4878, 4879, 4880, 4881, 4882, 4883, 4884, 4885, 4886, 4887, 4888, 4889, 4890, 4891, 4892, 4893, 4894, 4895, 4896, 4897, 4898, 4899, 4900, 5460, 5461, 5462, 5463, 5464, 5465, 5466, 5467, 5468, 5469, 5470, 5471, 5472, 5473, 5474, 5475, 5476, 5477, 5478, 5479, 5480, 6175, 6176, 6177, 6178, 6179, 6180, 6181, 6182, 6183, 6184, 6185, 6186, 6187, 6188, 6189, 6190, 6191, 6192, 6193, 6194, 6195, 6196, 6197, 6198, 6199, 6200, 6315, 6316, 6317, 6318, 6319, 6320, 6321, 6322, 6323, 6324, 6325, 6326, 6327, 6328, 6329, 6330, 6331, 6332, 6333, 6334, 6335, 6336, 6337, 6338, 6339, 6340, 6341, 6342, 6343, 6344, 6345, 6600, 6601, 6602, 6603, 6604, 6605, 6606, 6607, 6608, 6609, 6610, 6611, 6612, 6613, 6614, 6615, 6725, 6726, 6727, 6728, 6729, 6730, 6731, 6732, 6733, 6734, 6735, 6736, 6737, 6738, 6739, 6740, 6741, 6742, 6743, 6744, 6745, 6746, 6747, 6748, 6749, 6750, 6751, 6752, 6753, 6754, 6755, 6756, 6757, 6758, 6759, 6760, 6761, 6762, 6763, 6764, 6765, 6766, 6767, 6768, 6769, 6770, 6771, 6772, 6773, 6774, 6775, 7655, 7656, 7657, 7658, 7659, 7660, 7661, 7662, 7663, 7664, 7665, 7666, 7667, 7668, 7669, 7670, 7671, 7672, 8510, 8511, 8512, 8513, 8514, 8515, 8516, 8715, 8716, 8717, 8718, 8719, 8720, 8721, 8722, 8723, 8724, 8725, 8726, 8727, 8728, 8729, 8730, 8731, 8732, 8733, 8734, 8735, 8736, 8737, 8738, 8739, 8740, 8741, 8742, 8743, 8744, 8745, 9250, 9251, 9252, 9253, 9254, 9255, 9256, 9257, 9258, 9259, 9260, 9261, 9262, 9263, 9264, 9265, 9266, 9267, 9268, 9269, 9270, 9480, 9481, 9482, 9483, 9484, 9485, 9486, 9487, 9488, 9489, 9490, 9491, 9492, 9493, 9494, 9495, 9496, 9497, 9498, 9499, 9500, 9575, 9576, 9577, 9578, 9579, 9580, 9581, 9582, 9583, 9584, 9585, 9586, 9587, 9588, 9589, 9590, 10525, 10526, 10527, 10528, 10529, 10530, 10531, 10532, 10533, 10534, 10535, 10536, 10537, 10538, 10539, 10540, 11545, 11546, 11547, 11548, 11549, 11550, 11551, 11552, 11553, 11554, 11555, 11556, 11557, 11558, 11559, 11560, 11875, 11876, 11877, 11878, 11879, 11880, 11881, 11882, 11883, 11884, 11885, 11886, 11887, 11888, 11889, 11890, 11891, 11892, 11893, 11894, 11895, 11896, 11897, 11898, 11899, 11900, 11915, 11916, 11917, 11918, 11919, 11920, 11921, 11922, 11923, 11924, 11925, 11926, 11927, 11928, 11929, 11930, 11931, 11932, 11933, 11934, 11935, 11936, 11937, 11938, 11939, 11940, 13375, 13376, 13377, 13378, 13379, 13380, 13381, 13382, 13383, 13384, 13385, 13386, 13387, 13388, 13389 및 13390일 수 있다.

[0101] 일부 구현예에서, 안티센스 가닥 및 표적 mRNA 서열은 100% 상보성을 갖는다. 안티센스 가닥은 표적 mRNA 서열의 임의의 일부에 상보성일 수 있다.

[0102] 다른 구현예에서, 안티센스 가닥 및 표적 mRNA 서열은 적어도 하나의 미스매치를 포함한다. 비제한적인 예로서, 안티센스 가닥 및 표적 mRNA 서열은 적어도 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 또는 적어도 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-99%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-99%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-99%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-99%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-99%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-99%, 80-90%, 80-95%, 80-99%, 90-95%, 90-99% 또는 95-99% 상보성을 갖는다.

[0103] 본 발명에 따라, siRNA 분자는 약 10-50 또는 그 이상의 뉴클레오타이드의 길이를 갖고, 즉, 각각의 가닥은 10

내지 50 뉴클레오타이드 (또는 뉴클레오타이드 유사체)를 포함한다. 바람직하게, siRNA 분자는 각각의 가닥에서 약 15-30의 길이, 예를 들어, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 또는 30 뉴클레오타이드의 길이를 갖고, 여기서, 가닥 중 하나는 표적 영역과 충분히 상보성이다. 하나의 구현예에서, siRNA 분자는 약 19 내지 25, 19 내지 24 또는 19 내지 21 뉴클레오타이드의 길이를 갖는다.

[0104] 일부 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자는 약 19 뉴클레오타이드 내지 약 25 뉴클레오타이드, 및 3'-말단에 2개의 오버행 뉴클레오타이드를 포함하는 합성 RNA 듀플렉스일 수 있다. 일부 양상에서, siRNA 분자는 비변형된 RNA 분자일 수 있다. 다른 양상에서, siRNA 분자는 적어도 하나의 변형된 뉴클레오타이드, 예를 들어, 염기, 당 또는 골격 변형을 함유할 수 있다.

[0105] 하나의 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자는 이에 제한되지 않지만 표 1에서 안티센스(가이드) 서열 또는 이의 단편 또는 변이체와 같은 뉴클레오타이드 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 본 발명의 siRNA 분자에 사용되는 안티센스 서열은 표 1에서 뉴클레오타이드 서열의 적어도 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 또는 적어도 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-99%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-99%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-99%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-99%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-99%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-99%, 80-90%, 80-95%, 80-99%, 90-95%, 90-99% 또는 95-99%이다. 또 다른 비제한적인 예로서, 본 발명의 siRNA 분자에 사용되는 안티센스 서열은 표 1에서 뉴클레오타이드 서열의 적어도 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21 또는 21 초과의 연속 뉴클레오타이드를 포함한다. 또 다른 비제한적인 예로서, 본 발명의 siRNA 분자에 사용되는 안티센스 서열은 표 1에서 서열의 뉴클레오타이드 1 내지 22, 1 내지 21, 1 내지 20, 1 내지 19, 1 내지 18, 1 내지 17, 1 내지 16, 1 내지 15, 1 내지 14, 1 내지 13, 1 내지 12, 1 내지 11, 1 내지 10, 1 내지 9, 1 내지 8, 2 내지 22, 2 내지 21, 2 내지 20, 2 내지 19, 2 내지 18, 2 내지 17, 2 내지 16, 2 내지 15, 2 내지 14, 2 내지 13, 2 내지 12, 2 내지 11, 2 내지 10, 2 내지 9, 2 내지 8, 3 내지 22, 3 내지 21, 3 내지 20, 3 내지 19, 3 내지 18, 3 내지 17, 3 내지 16, 3 내지 15, 3 내지 14, 3 내지 13, 3 내지 12, 3 내지 11, 3 내지 10, 3 내지 9, 3 내지 8, 4 내지 22, 4 내지 21, 4 내지 20, 4 내지 19, 4 내지 18, 4 내지 17, 4 내지 16, 4 내지 15, 4 내지 14, 4 내지 13, 4 내지 12, 4 내지 11, 4 내지 10, 4 내지 9, 4 내지 8, 5 내지 22, 5 내지 21, 5 내지 20, 5 내지 19, 5 내지 18, 5 내지 17, 5 내지 16, 5 내지 15, 5 내지 14, 5 내지 13, 5 내지 12, 5 내지 11, 5 내지 10, 5 내지 9, 5 내지 8, 6 내지 22, 6 내지 21, 6 내지 20, 6 내지 19, 6 내지 18, 6 내지 17, 6 내지 16, 6 내지 15, 6 내지 14, 6 내지 13, 6 내지 12, 6 내지 11, 6 내지 10, 7 내지 22, 7 내지 21, 7 내지 20, 7 내지 19, 7 내지 18, 7 내지 17, 7 내지 16, 7 내지 15, 7 내지 14, 7 내지 13, 7 내지 12, 8 내지 22, 8 내지 21, 8 내지 20, 8 내지 19, 8 내지 18, 8 내지 17, 8 내지 16, 8 내지 15, 8 내지 14, 8 내지 13, 8 내지 12, 9 내지 22, 9 내지 21, 9 내지 20, 9 내지 19, 9 내지 18, 9 내지 17, 9 내지 16, 9 내지 15, 9 내지 14, 10 내지 22, 10 내지 21, 10 내지 20, 10 내지 19, 10 내지 18, 10 내지 17, 10 내지 16, 10 내지 15, 10 내지 14, 11 내지 22, 11 내지 21, 11 내지 20, 11 내지 19, 11 내지 18, 11 내지 17, 11 내지 16, 11 내지 15, 11 내지 14, 12 내지 22, 12 내지 21, 12 내지 20, 12 내지 19, 12 내지 18, 12 내지 17, 12 내지 16, 13 내지 22, 13 내지 21, 13 내지 20, 13 내지 19, 13 내지 18, 13 내지 17, 13 내지 16, 14 내지 22, 14 내지 21, 14 내지 20, 14 내지 19, 14 내지 18, 14 내지 17, 15 내지 22, 15 내지 21, 15 내지 20, 15 내지 19, 15 내지 18, 16 내지 22, 16 내지 21, 16 내지 20, 17 내지 22, 17 내지 21, 또는 18 내지 22를 포함한다.

[0106] [표 1]

안티센스 서열

안티센스 ID	서열	서열 번호
A-2000	UUAACGUCAGUUCAUAAACUU	3
A-2000dt	UUAACGUCAGUUCAUAAACdTdT	4
A-2001	UGUCGGUACCGUCUAACACUU	5
A-2001dt	UGUCGGUACCGUCUAACACdTdT	6
A-2002	UAAGCAUGGAGCUAGCAGGUU	7
A-2002dt	UAAGCAUGGAGCUAGCAGGdTdT	8
A-2003	UACAACGAGACUGAAUUGCUU	9
A-2003dt	UACAACGAGACUGAAUUGCdTdT	10
A-2004	UUCAGUUCAUAAACCUGGAUU	11
A-2004dt	UUCAGUUCAUAAACCUGGAdTdT	12
A-2005	UAACGUCAGUUCAUAAACCUU	13
A-2005dt	UAACGUCAGUUCAUAAACCdTdT	14
A-2006	UCCGGUCACAACAUUGUGGUU	15
A-2006dt	UCCGGUCACAACAUUGUGGdTdT	16
A-2007	UUGCACGGUUCUUUGUGACUU	17
A-2007dt	UUGCACGGUUCUUUGUGACdTdT	18
A-2008	UUUUAUAACAAGAGGUUCAUU	19
A-2008dt	UUUUAUAACAAGAGGUUCAdTdT	20
A-2009	UCCAAAUACUGGUUGUCGGUU	21
A-2009dt	UCCAAAUACUGGUUGUCGGdTdT	22
A-2010	UAUUUUAGGAAUUCCAAUGUU	23
A-2010dt	UAUUUUAGGAAUUCCAAUGdTdT	24
A-2011	UUUAGGAAUUCCAAUGAUCUU	25
A-2011dt	UUUAGGAAUUCCAAUGAUCdTdT	26
A-2012dt	UUAAUCUCUUUACUGAUAUdTdT	27
A-2013dt	GAUUUUAGGAAUUCCAAUGdTdT	28
A-2014	UAAGCAUGGAGCUAGCAGGCUU	29
A-2015	UAAGCAUGGAGCUAGCAGGGU	30
A-2016	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGU	31
A-2017	AAGGACUUGAGGGACUCGAAG	32
A-2018	AAGGACUUGAGGGACUCGA	33
A-2019	AGGACUUGAGGGACUCGAAGU	34
A-2020	GAGGACUUGAGGGACUCGAAGU	35
A-2021	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGU	36
A-2022	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGUU	37
A-2023	AAGGACUUGAGGGACUCGAAG	38
A-2024	AAGGACUUGAGGGACUCGA	39
A-2025	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGG	40
A-2026	AAGGACUUGAGGGACUCGAAU	41
A-2027	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGA	42
A-2028	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGG	43
A-2029	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGGU	44
A-2030	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGGA	45
A-2031	AAGGACUUGAGGGACUCGAAG	46
A-2032	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGU	47
A-2033	AAGGACUUGAGGGACUCGA	48
A-2034	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGGA	49
A-2035	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGG	50
A-2036	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGGAU	51
A-2037	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGGAUU	52

[0107]

A-2038	AAGGACUUGAGGGACUCGAAG	53
A-2039	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGGAA	54
A-2040	GAUGAAGUGCACACAUUGGAUGA	55
A-2041	GAUGAACUGCACACAUUGGAUG	56
A-2042	GAUGAAUUGCACACAGUAGAUGA	57
A-2043	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGGUU	58
A-2044	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGGUUU	59
A-2045	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGGU	60
A-2046	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGGUUUU	61
A-2047	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGGUUUUU	62
A-2048	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGG	63
A-2049	UAAGGACUUGAGGGACUCGAAG	64
A-2050	AAGGACUUGAGGGACUCGAAG	65
A-2051	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGU	66
A-2052	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGACGAGUCCC	67
A-2053	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGACGAGUCCCA	68
A-2054	AAGGACUUGAGGGACUCGAAGACGAGUCCCU	69
A-2055	GAUGAAGUGCACACAUUGGAUAC	70
A-2056	GAUGAAGUGCACACAUUGGAUACA	71
A-2057	GAUGAAGUGCACACAUUGGAUACAAUGUGU	72
A-2058	GAUGAAGUGCACACAUUGGAU	73
A-2059	GAUGAAGUGCACACAUUGGAUA	74
A-2060	GAUGAAUUGCACACAGUAGAUAU	75
A-2061	GAUGAAUUGCACACAGUAGAUAUAC	76
A-2062	GAUGAAUUGCACACAGUAGAUAUACUGUGU	77
A-2063	GAUGAAUUGCACACAGUAGAUAUA	78
A-2064	AUGAAUUGCACACAGUAGAUAUAC	79
A-2065	GAUGAAUUGCACACAGUAGAUA	80
A-2066	GAUGAAUUGCACACAGUAGAUAUACUGUGU	81
A-2067	UACAACGAGACUGAAUUGCU	82
A-2068	ACAACGAGACUGAAUUGCUU	83
A-2069	UCCGGUCACAACAUUGUGGUUC	84
A-2070	UCCGGUCACAACAUUGUGGU	85
A-2071	UCCGGUCACAACAUUGUG	86
A-2072	CCGGUCACAACAUUGUGGUU	87
A-2073	UUUUAUAACAAGAGGUUCAU	88
A-2074	UUUAUAACAAGAGGUUCAUU	89
A-2075	UAAGCAUGGAGCUAGCAGGU	90
A-2076	AAGCAUGGAGCUAGCAGGUU	91
A-2077	CCAAAUACUGGUUGUCGGUU	92
A-2078	UACAACGAGACUGAAUUGCUUU	93
A-2079	UAACGUCAGUUCAUAAACCUUU	94
A-2080	GUCCGGUCACAACAUUGUGGUU	95
A-2081	UCCGGUCACAACAUUGUGGUUUG	96
A-2082	UCCGGUCACAACAUUGUGGUUU	97
A-2083	UCCGGUCACAACAUUGUGG	98
A-2084	UAAGCAUGGAGCUAGCAGGUUU	99
A-2085	AAGCAUGGAGCUAGCAGGUUU	100
A-2086	UCCAAAUACUGGUUGUCGGUUU	101
A-2087	CCAAAUACUGGUUGUCGGUUU	102

[0108]

[0109] 하나의 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자는 이에 제한되지 않지만 표 2에서 센스(패신저) 서열 또는 이의 단편 또는 변이체와 같은 뉴클레오타이드 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 본 발명의 siRNA 분자에 사용되는 센스 서열은 표 2에서 뉴클레오타이드 서열의 적어도 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 또는 적어도 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-99%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-99%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-99%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-99%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-99%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-99%, 80-90%, 80-95%, 80-99%, 90-95%, 90-99% 또는 95-99%이다. 또 다른 비제한적인 예로서, 본 발명의 siRNA 분자에 사용되는 센스 서열은 표 2에서 뉴클레오타이드 서열의 적어도 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21 또는 21 초과의 연속 뉴클레오타이드를 포함한다. 또 다른 비제한적인 예로서, 본 발명의 siRNA 분자에 사용되는 센스 서열은 표 2에서 서열의 뉴클레오타이드 1 내지 22, 1 내지 21, 1 내지 20, 1 내지 19, 1 내지 18, 1 내지 17, 1 내지 16, 1 내지 15, 1 내지 14, 1 내지 13, 1 내지 12, 1 내지 11, 1 내지 10, 1 내지 9, 1 내지 8, 2 내지 22, 2 내지 21, 2 내지 20, 2 내지 19, 2 내지 18, 2 내지 17, 2 내지 16, 2 내지 15, 2 내지 14, 2 내지 13, 2 내지 12, 2 내지 11, 2 내지 10, 2 내지 9, 2 내지 8, 3 내지 22, 3 내지 21, 3 내지 20, 3 내지 19, 3 내지 18, 3 내지 17, 3 내지 16, 3 내지 15, 3 내지 14, 3 내지 13, 3 내지 12, 3 내지 11, 3 내지 10, 3 내지 9, 3 내지 8, 4 내지 22, 4 내지 21, 4 내지 20, 4 내지 19, 4 내지 18, 4 내지 17, 4 내지 16, 4 내지 15, 4 내지 14, 4 내지 13, 4 내지 12, 4 내지 11, 4 내지 10, 4 내지 9, 4 내지 8, 5 내지 22, 5 내지 21, 5 내지 20, 5 내지 19, 5 내지 18, 5 내지 17, 5 내지 16, 5 내지 15, 5 내지 14, 5 내지 13, 5 내지 12, 5 내지 11, 5 내지 10, 5 내지 9, 5 내지 8, 6 내지 22, 6 내지 21, 6 내지 20, 6 내지 19, 6 내지 18, 6 내지 17, 6 내지 16, 6 내지 15, 6 내지 14, 6 내지 13, 6 내지 12, 6 내지 11, 6 내지 10,

7 내지 22, 7 내지 21, 7 내지 20, 7 내지 19, 7 내지 18, 7 내지 17, 7 내지 16, 7 내지 15, 7 내지 14, 7 내지 13, 7 내지 12, 8 내지 22, 8 내지 21, 8 내지 20, 8 내지 19, 8 내지 18, 8 내지 17, 8 내지 16, 8 내지 15, 8 내지 14, 8 내지 13, 8 내지 12, 9 내지 22, 9 내지 21, 9 내지 20, 9 내지 19, 9 내지 18, 9 내지 17, 9 내지 16, 9 내지 15, 9 내지 14, 10 내지 22, 10 내지 21, 10 내지 20, 10 내지 19, 10 내지 18, 10 내지 17, 10 내지 16, 10 내지 15, 10 내지 14, 11 내지 22, 11 내지 21, 11 내지 20, 11 내지 19, 11 내지 18, 11 내지 17, 11 내지 16, 11 내지 15, 11 내지 14, 12 내지 22, 12 내지 21, 12 내지 20, 12 내지 19, 12 내지 18, 12 내지 17, 12 내지 16, 13 내지 22, 13 내지 21, 13 내지 20, 13 내지 19, 13 내지 18, 13 내지 17, 13 내지 16, 14 내지 22, 14 내지 21, 14 내지 20, 14 내지 19, 14 내지 18, 14 내지 17, 15 내지 22, 15 내지 21, 15 내지 20, 15 내지 19, 15 내지 18, 16 내지 22, 16 내지 21, 16 내지 20, 17 내지 22, 17 내지 21, 또는 18 내지 22를 포함한다.

[0110] [표 2]

센스 서열

센스 ID	서열	서열 번호
S-1000	GUUUAUGAACUGAUCUUACCC	103
S-1001	GUGUUAGACGGUACUGAUCCC	104
S-1002	CCUGCUAGCUCCAUGCUUCCC	105
S-1003	GUUUAUGAACUGAUCUUAGCC	106
S-1004	GUGUUAGACGGUACUGAUGCC	107
S-1005	CCUGCUAGCUCCAUGCUUGCC	108
S-1006	GUUUAUGAAGUGAUCUUAACC	109
S-1007	GUGUUAGACCGUACUGAUACC	110
S-1008	CCUGCUAGCACCAUGCUUACC	111
S-1009	GUUUAUGAACUGAUCUUAACC	112
S-1010	GUGUUAGACGGUACUGAUACC	113
S-1011	CCUGCUAGCUCCAUGCUUACC	114
S-1011dt	CCUGCUAGCUCCAUGCUUAdTdT	115
S-1012	GUUUAUGAACUGAUCUUGCCC	116
S-1013	GUUUAUGAACUGAUCUUGGCC	117
S-1014	GUUUAUGAACUGAUCUUGACC	118
S-1015	GCAAUUCAGUCUCGUUGUCCC	119
S-1016	UCCAGGUUUAUGAACUGACCC	120
S-1017	GGUUUAUGAACUGACGUUCCC	121
S-1018	CCACAAUGUUGUGACUGGCCC	122
S-1019	GUCACAAAGAACCGUGUACCC	123
S-1020	UGAACCUCUUGUUAUAAACCC	124
S-1021	CCGACAACCAGUAUUUGGCCC	125
S-1022	GCAAUUCAGUCUCGUUGUGCC	126
S-1023	UCCAGGUUUAUGAACUGAGCC	127
S-1024	GGUUUAUGAACUGACGUUGCC	128
S-1025	CCACAAUGUUGUGACUGGGCC	129
S-1026	GUCACAAAGAACCGUGUAGCC	130
S-1027	UGAACCUCUUGUUAUAAAGCC	131
S-1028	CCGACAACCAGUAUUUGGGCC	132
S-1029	GCAAUUCAGUCUCGUUGUACC	133
S-1029dt	GCAAUUCAGUCUCGUUGUAdTdT	134
S-1030	UCCAGGUUUAUGAACUGAACC	135
S-1030dt	UCCAGGUUUAUGAACUGAAdTdT	136
S-1031	GGUUUAUGAACUGACGUUACC	137
S-1032	CCACAAUGUUGUGACUGGACC	138
S-1033	GUCACAAAGAACCGUGUAACC	139
S-1034	UGAACCUCUUGUUAUAAAACC	140
S-1034dt	UGAACCUCUUGUUAUAAAAdTdT	141
S-1035	CCGACAACCAGUAUUUGGACC	142
S-1035dt	CCGACAACCAGUAUUUGGAdTdT	143
S-1036	GCAAUUCAGACUCGUUGUACC	144
S-1037	UCCAGGUUUUUGAACUGAACC	145
S-1038	GGUUUAUGAUCUGACGUUACC	146
S-1039	CCACAAUGUAGUGACUGGACC	147
S-1040	GUCACAAAGUACCGUGUAACC	148
S-1041	UGAACCUCUAGUUAUAAAACC	149
S-1042	CCGACAACCUGUAUUUGGACC	150
S-1043	CAUUGGAAUUCCUAAAAUUCC	151
S-1044	GAUCAUUGGAAUUCCUAAUCC	152

[0111]

S-1045	CAUUGGAAUUCCUAAAAUGCC	153
S-1046	GAUCAUUGGAAUUCCUAAGCC	154
S-1047	CAUUGGAAUUCCUAAAAUACC	155
S-1047dt	CAUUGGAAUUCCUAAAAUAdTdT	156
S-1048	GAUCAUUGGAAUUCCUAAACC	157
S-1048dt	GAUCAUUGGAAUUCCUAAAdTdT	158
S-1049	CAUUGGAAUACCUAAAAUACC	159
S-1050	GAUCAUUGGUAUUCCUAAACC	160
S-1051dt	GUUUAUGAACUGACGUUAAdTdT	161
S-1052dt	GUGUUAGACGGUACCGACAdTdT	162
S-1053dt	AUAUCAGUAAAGAGAUUAAdTdT	163
S-1054dt	GGUUUAUGAACUGACGUUAdTdT	164
S-1055dt	CCACAAUGUUGUGACCGGAdTdT	165
S-1056dt	GUCACAAAGAACCGUGCAAdTdT	166
S-1057dt	CAUUGGAAUUCCUAAAAUCdTdT	167
S-1058	CCUGCUAGCUCCAUGCUUGCU	168
S-1059	CCUGCUAGCUCCAUGCUUGAU	169
S-1060	CCUGCUAGCUCCAUGCUUAUU	170
S-1061	CCUGCUAGCUCCAUGCUUGUU	171
S-1062	UUCGAGUCCCUCAAGUAGCU	172
S-1063	UUCGAGUCCCUCAAGUAGCUUU	173
S-1064	UCGAGUCCCUCAAGUCCAUUCU	174
S-1065	UUCCAGUCCAUCAAGUCAAUU	175
S-1066	UUCCGAGUCUAAAAGUCCUUGG	176
S-1067	UUCCGAGUCUAAAAGUCCUUGGC	177
S-1068	CUUCCGAGUCUAAAAGUCCUUGG	178
S-1069	UUCCGAGUCUAAAAGUCCUUGGU	179
S-1070	UUCCGAGUCUAAAAGUCCUUGGCU	180
S-1071	UCCAAUGUGAAACUUCAUCGGCU	181
S-1072	UCCAAUGUGAAACUUCAUCGGC	182
S-1073	AUCCAAUGUGAAACUUCAUCGU	183
S-1074	AUCCAAUGUGAAACUUCAUCGGU	184
S-1075	UCCAAUGUGAAACUUCAUCGGU	185
S-1076	UCCAAUGUGAAACUUCAUCGGCUU	186
S-1077	AUCUACUGUGAAAAUUCAUCGG	187
S-1078	UCUACUGUGAAAAUUCAUCGG	188
S-1079	UCUACUGUGAAAAUUCAUCGGC	189
S-1080	AUCUACUGUGAAAAUUCAUCGGU	190
S-1081	UCUACUGUGAAAAUUCAUCGGU	191
S-1082	UCUACUGUGAAAAUUCAUCGGCU	192
S-1083	CCUUCGGUCCUCAAGUCCUUCA	193
S-1084	UUCGAGUCCAUCAAAUCCUAUAGU	194
S-1085	UACAAUGUGUGCACUUCAUAU	195
S-1086	UAUACUGUGUGCAAUUCAUUUCU	196
S-1087	GCAAUUCAGUCUCGUUGUCC	197
S-1088	GCAAUUCAGUCUCGUUGUC	198
S-1089	CAAUUCAGUCUCGUUGUCCC	199
S-1090	CAAUUCAGUCUCGUUGUCC	200
S-1091	GCAAUUCAGUCUCGUUGUGC	201
S-1092	CAAUUCAGUCUCGUUGUGCC	202
S-1093	CCACAAUGUUGUGACUGGGCCU	203
S-1094	CCACAAUGUUGUGACUGGGC	204
S-1095	CACAAUGUUGUGACUGGGCC	205
S-1096	UGAACCUCUUGUUAUAAAGCCU	206
S-1097	UGAACCUCUUGUUAUAAAGC	207
S-1098	GAACCUCUUGUUAUAAAGCC	208
S-1099	CCUGCUAGCUCCAUGCUUGCCU	209
S-1100	CCUGCUAGCUCCAUGCUUGC	210

[0112]

S-1101	CCUGCUAGCUCCAUGCUUG	211
S-1102	CUGCUAGCUCCAUGCUUGCC	212
S-1103	CCGACAACCAGUAUUUGGGCCU	213
S-1104	CCGACAACCAGUAUUUGGGC	214
S-1105	CCGACAACCAGUAUUUGGG	215
S-1106	CGACAACCAGUAUUUGGGCC	216
S-1107	CGACAACCAGUAUUUGGGC	217
S-1108	GCAAUUCAGUCUCGUUGUACCU	218
S-1109	GCAAUUCAGUCUCGUUGUAC	219
S-1110	GCAAUUCAGUCUCGUUGUA	220
S-1111	CAAUUCAGUCUCGUUGUACC	221
S-1112	GCAAUUCAGACUCGUUGUACCU	222
S-1113	GCAAUUCAGACUCGUUGUAC	223
S-1114	GCAAUUCAGACUCGUUGUA	224
S-1115	CAAUUCAGACUCGUUGUACC	225
S-1116	AGCAAUUCAGUCUCGUUGUACC	226
S-1117	AGCAAUUCAGUCUCGUUGUAC	227
S-1118	AGGUUUAUGAACUGACGUUAC	228
S-1119	AGGUUUAUGAACUGACGUUACC	229
S-1120	ACCACAAUGUUGUGACUGGAC	230
S-1121	ACCACAAUGUUGUGACUGGACC	231
S-1122	CCACAAUGUUGUGACUGGACCGU	232
S-1123	CCACAAUGUUGUGACUGGACCG	233
S-1124	CCACAAUGUUGUGACUGGAC	234
S-1125	CACAAUGUUGUGACUGGACC	235
S-1126	ACCUGCUAGCUCCAUGCUUCCC	236
S-1127	ACCUGCUAGCUCCAUGCUUCC	237
S-1128	ACCUGCUAGCUCCAUGCUUC	238
S-1129	CCUGCUAGCUCCAUGCUUCC	239
S-1130	CCUGCUAGCUCCAUGCUUC	240
S-1131	CUGCUAGCUCCAUGCUUCCC	241
S-1132	CUGCUAGCUCCAUGCUUCC	242
S-1133	ACCGACAACCAGUAUUUGGACC	243
S-1134	ACCGACAACCAGUAUUUGGAC	244
S-1135	CCGACAACCAGUAUUUGGACCGU	245
S-1136	CCGACAACCAGUAUUUGGACCGU	246
S-1137	CCGACAACCAGUAUUUGGAC	247
S-1138	CGACAACCAGUAUUUGGACC	248
S-1139	CCUGCUAGCACCGUGCUUACC	249

[0113]

[0114] 하나의 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자는 표 1로부터의 안티센스 서열 및 표 2로부터의 센스 서열 또는 이의 단편 또는 변이체를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 안티센스 서열 및 센스 서열은 적어도 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 또는 적어도 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-99%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-99%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-99%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-99%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-99%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-99%, 80-90%, 80-95%, 80-99%, 90-95%, 90-99% 또는 95-99% 상보성을 갖는다.

[0115] 하나의 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자는 표 3 내지 5에 기재된 바와 같은 센스 및 안티센스 siRNA 듀플렉스를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 이들 siRNA 듀플렉스는 내인성 HTT 유전자 발현에 대한 시험관내 저해 활성에 대해 시험될 수 있다.

[0116] [표 3]

HTT dsRNA 의 센스 및 안티센스 가닥 서열

siRNA 듀플렉스 ID	SS ID	개시 SS	센스 가닥 서열 (5'-3')	SS 서열 번호	AS ID	개시 AS	안티센스 가닥 서열 (5'-3')	AS 서열 번호
D-3566	S-1058	6751	CCUGCUAGCUC CAUGCUUGCU	168	A-2002	6751	UAAGCAUGGAG CUAGCAGGUU	7
D-3567	S-1058	6751	CCUGCUAGCUC CAUGCUUGCU	168	A-2014	6748	UAAGCAUGGAG CUAGCAGGCUU	29
D-3568	S-1059	6751	CCUGCUAGCUC CAUGCUUGAU	169	A-2002	6751	UAAGCAUGGAG CUAGCAGGUU	7
D-3569	S-1060	6751	CCUGCUAGCUC CAUGCUUAUU	170	A-2015	6751	UAAGCAUGGAG CUAGCAGGGU	30
D-3570	S-1061	6751	CCUGCUAGCUC CAUGCUUGUU	171	A-2002	6751	UAAGCAUGGAG CUAGCAGGUU	7
D-3500	S-1016	1386	UCCAGGUUUAU GAACUGACCC	120	A-2004	1386	UUCAGUUCAUA AACCUGGAUU	11
D-3501	S-1023	1386	UCCAGGUUUAU GAACUGAGCC	127	A-2004	1386	UUCAGUUCAUA AACCUGGAUU	11
D-3502	S-1030	1386	UCCAGGUUUAU GAACUGAACC	135	A-2004	1386	UUCAGUUCAUA AACCUGGAUU	11
D-3503	S-1037	1386	UCCAGGUUUUU GAACUGAACC	145	A-2004	1386	UUCAGUUCAUA AACCUGGAUU	11
D-3504	S-1030	1386	UCCAGGUUUAU GAACUGAACC	135	A-2001	2066	UGUCGGUACCG UCUAACACUU	5
D-3505	S-1017	1390	GGUUUAUGAAC UGACGUUCCC	121	A-2005	1389	UAACGUCAGUU CAUAAACCUU	13
D-3506	S-1024	1390	GGUUUAUGAAC UGACGUUGCC	128	A-2005	1389	UAACGUCAGUU CAUAAACCUU	13
D-3507	S-1031	1390	GGUUUAUGAAC UGACGUUACC	137	A-2005	1389	UAACGUCAGUU CAUAAACCUU	13
D-3508	S-1038	1390	GGUUUAUGAUC UGACGUUACC	146	A-2005	1389	UAACGUCAGUU CAUAAACCUU	13
D-3509	S-1000	1391	GUUUAUGAACU GAUCUUACCC	103	A-2000	1391	UUAACGUCAGU UCAUAAACUU	3
D-3510	S-1003	1391	GUUUAUGAACU GAUCUUAGCC	106	A-2000	1391	UUAACGUCAGU UCAUAAACUU	3
D-3511	S-1006	1391	GUUUAUGAAG UGAUCUUAACC	109	A-2000	1391	UUAACGUCAGU UCAUAAACUU	3
D-3512	S-1009	1391	GUUUAUGAACU GAUCUUAACC	112	A-2000	1391	UUAACGUCAGU UCAUAAACUU	3
D-3513	S-1012	1391	GUUUAUGAACU GAUCUUGCCC	116	A-2000	1391	UUAACGUCAGU UCAUAAACUU	3
D-3514	S-1013	1391	GUUUAUGAACU GAUCUUGGCC	117	A-2000	1391	UUAACGUCAGU UCAUAAACUU	3
D-3515	S-1014	1391	GUUUAUGAACU GAUCUUGACC	118	A-2000	1391	UUAACGUCAGU UCAUAAACUU	3
D-3516	S-1018	1429	CCACAAUGUUG UGACUGGCCC	122	A-2006	1428	UCCGGUCACAA CAUUGUGGUU	15
D-3517	S-1025	1429	CCACAAUGUUG UGACUGGGCC	129	A-2006	1428	UCCGGUCACAA CAUUGUGGUU	15
D-3518	S-1032	1429	CCACAAUGUUG UGACUGGACC	138	A-2006	1428	UCCGGUCACAA CAUUGUGGUU	15
D-3519	S-	1429	CCACAAUGUAG	147	A-2006	1428	UCCGGUCACAA	15

[0117]

	1039		UGACUGGACC				CAUUGUGGUU	
D-3520	S-1001	2066	GUGUUAGACGG UACUGAUCCC	104	A-2001	2066	UGUCGGUACCG UCUAACACUU	5
D-3521	S-1004	2066	GUGUUAGACGG UACUGAUGCC	107	A-2001	2066	UGUCGGUACCG UCUAACACUU	5
D-3522	S-1007	2066	GUGUUAGACCG UACUGAUACC	110	A-2001	2066	UGUCGGUACCG UCUAACACUU	5
D-3523	S-1010	2066	GUGUUAGACGG UACUGAUACC	113	A-2001	2066	UGUCGGUACCG UCUAACACUU	5
D-3524	S-1021	2079	CCGACAACCAG UAUUUGGCCC	125	A-2009	2078	UCCAAAUACUG GUUGUCGGUU	21
D-3525	S-1028	2079	CCGACAACCAG UAUUUGGGCC	132	A-2009	2078	UCCAAAUACUG GUUGUCGGUU	21
D-3526	S-1035	2079	CCGACAACCAG UAUUUGGACC	142	A-2009	2078	UCCAAAUACUG GUUGUCGGUU	21
D-3527	S-1042	2079	CCGACAACCUG UAUUUGGACC	150	A-2009	2078	UCCAAAUACUG GUUGUCGGUU	21
D-3528	S-1019	4544	GUCACAAAGAA CCGUGUACCC	123	A-2007	4544	UUGCACGGUUC UUUGUGACUU	17
D-3529	S-1026	4544	GUCACAAAGAA CCGUGUAGCC	130	A-2007	4544	UUGCACGGUUC UUUGUGACUU	17
D-3530	S-1033	4544	GUCACAAAGAA CCGUGUAACC	139	A-2007	4544	UUGCACGGUUC UUUGUGACUU	17
D-3531	S-1040	4544	GUCACAAAGUA CCGUGUAACC	148	A-2007	4544	UUGCACGGUUC UUUGUGACUU	17
D-3532	S-1020	4597	UGAACCUCUUG UUAUAAACCC	124	A-2008	4597	UUUUAUAACAA GAGGUUCAUU	19
D-3533	S-1027	4597	UGAACCUCUUG UUAUAAAGCC	131	A-2008	4597	UUUUAUAACAA GAGGUUCAUU	19
D-3534	S-1034	4597	UGAACCUCUUG UUAUAAAACC	140	A-2008	4597	UUUUAUAACAA GAGGUUCAUU	19
D-3535	S-1041	4597	UGAACCUCUAG UUAUAAAACC	149	A-2008	4597	UUUUAUAACAA GAGGUUCAUU	19
D-3536	S-1044	4861	GAUCAUUGGAA UUCCUAAUCC	152	A-2011	4860	UUUAGGAAUUC CAAUGAUCUU	25
D-3537	S-1046	4861	GAUCAUUGGAA UUCCUAAGCC	154	A-2011	4860	UUUAGGAAUUC CAAUGAUCUU	25
D-3538	S-1048	4861	GAUCAUUGGAA UUCCUAAACC	157	A-2011	4860	UUUAGGAAUUC CAAUGAUCUU	25
D-3539	S-1050	4861	GAUCAUUGGUA UUCCUAAACC	160	A-2011	4860	UUUAGGAAUUC CAAUGAUCUU	25
D-3540	S-1043	4864	CAUUGGAAUUC CUAAAAUUCC	151	A-2010	4864	UAUUUUAGGA AUUCCAAUGUU	23
D-3541	S-1045	4864	CAUUGGAAUUC CUAAAAUGCC	153	A-2010	4864	UAUUUUAGGA AUUCCAAUGUU	23
D-3542	S-1047	4864	CAUUGGAAUUC CUAAAAUACC	155	A-2010	4864	UAUUUUAGGA AUUCCAAUGUU	23
D-3543	S-1049	4864	CAUUGGAAUAC CUAAAAUACC	159	A-2010	4864	UAUUUUAGGA AUUCCAAUGUU	23
D-3544	S-1015	6188	GCAAUUCAGUC UCGUUGUCCC	119	A-2003	6188	UACAACGAGAC UGAAUUGCUU	9
D-3545	S-1022	6188	GCAAUUCAGUC UCGUUGUGCC	126	A-2003	6188	UACAACGAGAC UGAAUUGCUU	9
D-3546	S-1029	6188	GCAAUUCAGUC UCGUUGUACC	133	A-2003	6188	UACAACGAGAC UGAAUUGCUU	9
D-3547	S-1036	6188	GCAAUUCAGAC UCGUUGUACC	144	A-2003	6188	UACAACGAGAC UGAAUUGCUU	9
D-3548	S-1002	6751	CCUGCUAGCUC CAUGCUUCCC	105	A-2002	6751	UAAGCAUGGAG CUAGCAGGUU	7

[0118]

D-3549	S-1005	6751	CCUGCUAGCUC CAUGCUUGCC	108	A-2002	6751	UAAGCAUGGAG CUAGCAGGUU	7
D-3550	S-1008	6751	CCUGCUAGCAC CAUGCUUACC	111	A-2002	6751	UAAGCAUGGAG CUAGCAGGUU	7
D-3551	S-1011	6751	CCUGCUAGCUC CAUGCUUACC	114	A-2002	6751	UAAGCAUGGAG CUAGCAGGUU	7

[0119] [표 4]

HTT dsRNA 의 센스 및 안티센스 가닥 서열

siRNA 듀플렉스 ID	SS ID	개시 SS	센스 가닥 서열 (5'-3')	SS 서열 번호	AS ID	개시 AS	안티센스 가닥 서열 (5'-3')	AS 서열 번호
D-3552	S-1051dt	1391	GUUUAUGAACUG ACGUUAAdTdT	161	A-2000dt	1391	UUAACGUCAGU UCAUAAACdTdT	4
D-3553	S-1052dt	2066	GUGUUAGACGGU ACCGACAdTdT	162	A-2001dt	2066	UGUCGGUACCG UCUAACACdTdT	6
D-3554	S-1011dt	6751	CCUGCUAGCUCC AUGCUUAdTdT	115	A-2002dt	6751	UAAGCAUGGAG CUAGCAGGdTdT	8
D-3555	S-1053dt	10322	AUAUCAGUAAAG AGAUUAAdTdT	163	A-2012dt	10322	UUAAUCUCUUU ACUGAUAUdTdT	27
D-3556	S-1030dt	1386	UCCAGGUUUAUG AACUGAAdTdT	136	A-2004dt	1386	UUCAGUUCAUA AACCUGGAdTdT	12
D-3557	S-1054dt	1390	GGUUUAUGAACU GACGUUAdTdT	164	A-2005dt	1390	UAACGUCAGUU CAUAAACCdTdT	14
D-3558	S-1055dt	1429	CCACAAUGUUGU GACCGGAdTdT	165	A-2006dt	1429	UCCGGUCACAA CAUUGUGGdTdT	16
D-3559	S-1035dt	2079	CCGACAACCAGU AUUUGGAdTdT	143	A-2009dt	2079	UCCAAAUACUG GUUGUCGGdTdT	22
D-3560	S-1056dt	4544	GUCACAAAGAAC CGUGCAAdTdT	166	A-2007dt	4544	UUGCACGGUUC UUUGUGACdTdT	18
D-3561	S-1034dt	4597	UGAACCUCUUGU UAUAAAAdTdT	141	A-2008dt	4597	UUUUAUAACAA GAGGUUCAdTdT	20
D-3562	S-1029dt	6188	GCAAUUCAGUCU CGUUGUAdTdT	134	A-2003dt	6188	UACAACGAGAC UGAAUUGCdTdT	10
D-3563	S-1047dt	4864	CAUUGGAAUUCC UAAAAUAdTdT	156	A-2010dt	4864	UAUUUUAGGAA UUCCAAUGdTdT	24
D-3564	S-1048dt	4861	GAUCAUUGGAAU UCCUAAAdTdT	158	A-2011dt	4861	UUUAGGAAUUC CAAUGAUCdTdT	26
D-3565	S-1057dt	4864	CAUUGGAAUUCC UAAAAUCdTdT	167	A-2013dt	4864	GAUUUUAGGAA UUCCAAUGdTdT	28

[0120]

[0121] [표 5]

HTT dsRNA 의 안티센스 및 센스 가닥 서열

siRNA 듀플렉스 ID	AS ID	개시 AS	안티센스 가닥 서열 (5'-3')	AS 서열 번호	SS ID	개시 SS	센스 가닥 서열 (5'-3')	SS 서열 번호
D-3569	S-1060	6751	CCUGCUAGCUC CAUGCUUAUU	170	A-2015	6751	UAAGCAUGGAG CUAGCAGGGU	30
D-3570	S-1061	6751	CCUGCUAGCUC CAUGCUUGUU	171	A-2002	6751	UAAGCAUGGAG CUAGCAGGUU	7

[0122]

[0123] 다른 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자는 세포로의 전달을 위해 플라스미드 벡터, 바이러스 벡터(예를 들어, AAV 벡터), 게놈 또는 다른 핵산 발현 벡터에 암호화될 수 있다.

[0124] DNA 발현 플라스미드는 세포에서 본 발명의 siRNA 듀플렉스 또는 dsRNA를 안정하게 발현하고 표적 유전자 발현의 장기 저해를 성취하기 위해 사용될 수 있다. 하나의 양상에서, siRNA 듀플렉스의 센스 및 안티센스 가닥은 전형적으로 짧은 헤어핀 RNA(shRNA)로 호칭되는 스템-루프(stem-loop) 구조의 발현을 유도하는 짧은 스페이서 서열에 의해 연결된다. 헤어핀은 다이서에 의해 인지되고 절단됨에 따라서 성숙한 siRNA 분자를 생성한다.

[0125] 하나의 구현예에서, siRNA 듀플렉스의 센스 및 안티센스 가닥은 임의로 추가의 플랭킹 서열에 연결될 수 있는 짧은 스페이서 서열에 의해 연결되어 1차 마이크로RNA(pri-miRNA)로 호칭되는 플랭킹 아암-스템-루프 구조의 발현을 유도할 수 있다. pri-miRNA는 드로샤(Drosha) 및 다이서에 의해 인지되어 절단될 수 있고 따라서 성숙한 siRNA 분자를 생성한다.

[0126] 본 발명에 따라, HTT mRNA를 표적화하는 siRNA 분자를 암호화하는 핵산을 포함하는 AAV 벡터를 제조하고, 상기 AAV 벡터 혈청형은 AAV1, AAV2, AAV3, AAV4, AAV5, AAV6, AAV7, AAV8, AAV9, AAV9.47, AAV9(hu14), AAV10, AAV11, AAV12, AAVrh8, AAVrh10, AAV-DJ8, AAV-DJ, AAV-PHP.A(PHP.A), 및/또는 AAV-PHP.B(PHP.B), 및 이들의 변이체일 수 있다.

[0127] 일부 구현예에서, 본 발명의 siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA는 표적 mRNA (예를 들어, HTT)를 억제한다(또는 분해한다). 따라서, 상기 siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA를 사용하여 세포, 예를 들어, 신경세포에서 HTT 유전자 발현을 실질적으로 저해할 수 있다. 일부 양상에서, HTT 유전자 발현의 저해는 적어도 약 20%까지, 바람직하게 적어도 약 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-

90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지의 저해를 언급한다. 따라서, 표적화된 유전자의 단백질 생성물은 적어도 약 20%까지, 바람직하게 적어도 약 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%까지 저해될 수 있다.

[0128] 본 발명에 따라, siRNA 분자는 디자인하고 배양된 세포에서 HTT mRNA 수준을 감소시키는 이들의 능력에 대해 시험된다. 상기 siRNA 분자는 듀플렉스를 형성할 수 있고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 표 3, 표 4 또는 표 5에 기재된 것들을 포함한다. 비제한적인 예로서, siRNA 듀플렉스는 siRNA 듀플렉스 ID일 수 있다: D-3500 내지 D-3570.

[0129] 하나의 구현예에서, siRNA 분자는 가이드 가닥내에 위치한 표적(예를 들어, HTT)에 대한 miRNA 시드 매치를 포함한다. 또 다른 구현예에서, siRNA 분자는 가이드 가닥내에 위치한 표적(예를 들어, HTT)에 대한 miRNA 시드 매치를 포함한다. 여전히 또 다른 구현예에서, HTT 유전자를 표적화하는, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA는 가이드 또는 패신저 가닥에 위치한 표적(예를 들어, HTT)에 대한 시드 매치를 포함하지 않는다.

[0130] 하나의 구현예에서, HTT 유전자를 표적화하는, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA는 가이드 가닥에 대한 거의 어떠한 유의적 전장 오프 표적(full-length off target)을 가질 수 없다. 또 다른 구현예에서, HTT 유전자를 표적화하는, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA는 패신저 가닥에 대한 거의 거의 어떠한 유의적 전장 오프 표적 효과를 가질 수 없다. HTT 유전자를 표적화하는, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA는 패신저 가닥에 대해 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 11%, 12%, 13%, 14%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 미만, 1-5%, 2-6%, 3-7%, 4-8%, 5-9%, 5-10%, 6-10%, 5-15%, 5-20%, 5-25%, 5-30%, 10-20%, 10-30%, 10-40%, 10-50%, 15-30%, 15-40%, 15-45%, 20-40%, 20-50%, 25-50%, 30-40%, 30-50%, 35-50%, 40-50%, 45-50%의 전장 오프 표적 효과를 가질 수 있다. 또 다른 구현예에서, HTT 유전자를 표적화하는, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA는 가이드 가닥 또는 패신저 가닥에 대한 거의 어떠한 유의적 전장 오프 표적을 가질 수 없다. HTT 유전자를 표적화하는, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA는 가이드 또는 패신저 가닥에 대해 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 11%, 12%, 13%, 14%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 미만, 1-5%, 2-6%, 3-7%, 4-8%, 5-9%, 5-10%, 6-10%, 5-15%, 5-20%, 5-25%, 5-30%, 10-20%, 10-30%, 10-40%, 10-50%, 15-30%, 15-40%, 15-45%, 20-40%, 20-50%, 25-50%, 30-40%, 30-50%, 35-50%, 40-50%, 45-50%의 전장 오프 표적 효과를 가질 수 있다.

[0131] 하나의 구현예에서, HTT 유전자를 표적화하는, siRNA 듀플렉스 또는 암호화된 dsRNA는 시험관내 고활성을 가질 수 있다. 또 다른 구현예에서, siRNA 분자는 시험관내 저활성을 가질 수 있다. 또 다른 구현예에서, HTT 유전자를 표적화하는, 듀플렉스 또는 dsRNA는 시험관내에서 높은 가이드 가닥 활성 및 낮은 패신저 가닥 활성을 가질 수 있다.

[0132] 하나의 구현예에서, siRNA 분자는 시험관내 높은 가이드 가닥 활성 및 낮은 패신저 가닥 활성을 갖는다. 가이드 가닥에 의한 표적 녹-다운(KD)은 적어도 40%, 50%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99%, 99.5% 또는 100%일 수 있다. 가이드 가닥에 의한 표적 녹-다운은 40-50%, 45-50%, 50-55%, 50-60%, 60-65%, 60-70%, 60-75%, 60-80%, 60-85%, 60-90%, 60-95%, 60-99%, 60-99.5%, 60-100%, 65-70%, 65-75%, 65-80%, 65-85%, 65-90%, 65-95%, 65-99%, 65-99.5%, 65-100%, 70-75%, 70-80%, 70-85%, 70-90%, 70-95%, 70-99%, 70-99.5%, 70-100%, 75-80%, 75-85%, 75-90%, 75-95%, 75-99%, 75-99.5%, 75-100%, 80-85%, 80-90%, 80-95%, 80-99%, 80-99.5%, 80-100%, 85-90%, 85-95%, 85-99%, 85-99.5%, 85-100%, 90-95%, 90-99%, 90-99.5%, 90-100%, 95-99%, 95-99.5%, 95-100%, 99-99.5%, 99-100% 또는 99.5-100%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥에 의한 표적 녹-다운(KD)은 70% 초과이다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥에 의한 표적 녹-다운(KD)은 60% 초과이다.

[0133] 하나의 구현예에서, siRNA 듀플렉스는 비-HTT 서열에 대한 센스 또는 안티센스 서열에 대한 miRNA 시드 매치가 없도록 디자인된다.

[0134] 하나의 구현예에서, 최인접 오프 표적에 대한 가이드 가닥의 IC_{50}은 표적에 대한 가이드 가닥의 IC_{50} x 100 초과이다. 비제한적인 예로서, 최인접 오프 표적에 대한 가이드 가닥의 IC_{50}이 표적에 대한 가이드 가닥의 IC_{50} x 100 초과인 경우, siRNA 분자는 시험관내 HTT를 저해하기 위해 높은 가이드 가닥 선택성을 갖는 것으로 일컬어진다.

[0135] 하나의 구현예에서, 가이드 가닥의 5' 프로세싱은 시험관내 또는 생체내에서 5' 말단에서 시간의 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 올바른 개시(n)를 갖는다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥의 5' 프로세싱은 정확하고 시험관내에서 5' 말단에서 시간의 적어도 99%의 올바른 개시(n)를 갖는다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥의 5' 프로세싱은 정확하고 생체관내에서 5' 말단에서 시간의 적어도 99%의 올바른 개시(n)를 갖는다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥의 5' 프로세싱은 정확하고 시험관내에서 5' 말단에서 시간의 적어도 90%의 올바른 개시(n)를 갖는다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥의 5' 프로세싱은 정확하고 생체내에서 5' 말단에서 시간의 적어도 90%의 올바른 개시(n)를 갖는다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥의 5' 프로세싱은 정확하고 시험관내에서 5' 말단에서 시간의 적어도 85%의 올바른 개시(n)를 갖는다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥의 5' 프로세싱은 정확하고 생체내에서 5' 말단에서 시간의 적어도 85%의 올바른 개시(n)를 갖는다.

[0136] 하나의 구현예에서, 발현되는 가이드 대 패신저(G:P) (또한 안티센스 대 센스로서 언급됨) 가닥 비율은 시험관내 또는 생체내에서 1:10, 1:9, 1:8, 1:7, 1:6, 1:5, 1:4, 1:3, 1:2, 1;1, 2:10, 2:9, 2:8, 2:7, 2:6, 2:5, 2:4, 2:3, 2:2, 2:1, 3:10, 3:9, 3:8, 3:7, 3:6, 3:5, 3:4, 3:3, 3:2, 3:1, 4:10, 4:9, 4:8, 4:7, 4:6, 4:5, 4:4, 4:3, 4:2, 4:1, 5:10, 5:9, 5:8, 5:7, 5:6, 5:5, 5:4, 5:3, 5:2, 5:1, 6:10, 6:9, 6:8, 6:7, 6:6, 6:5, 6:4, 6:3, 6:2, 6:1, 7:10, 7:9, 7:8, 7:7, 7:6, 7:5, 7:4, 7:3, 7:2, 7:1, 8:10, 8:9, 8:8, 8:7, 8:6, 8:5, 8:4, 8:3, 8:2, 8:1, 9:10, 9:9, 9:8, 9:7, 9:6, 9:5, 9:4, 9:3, 9:2, 9:1, 10:10, 10:9, 10:8, 10:7, 10:6, 10:5, 10:4, 10:3, 10:2, 10:1, 1:99, 5:95, 10:90, 15:85, 20:80, 25:75, 30:70, 35:65, 40:60, 45:55, 50:50, 55:45, 60:40, 65:35, 70:30, 75:25, 80:20, 85:15, 90:10, 95:5, 또는 99:1이다. 가이드 대 패신저 비율은 pri-마이크로RNA의 세포내 프로세싱 후 가이드 가닥 대 패신저 가닥의 비율을 언급한다. 예를 들어, 80:20 가이드-대-패신저 비율은 전구체로부터 프로세싱되는 2개의 패신저 가닥 마다 8개의 가이드 가닥을 갖는다. 비제한적인 예로서, 가이드 대 패신저 가닥 비율은 시험관내에서 8:2이다. 비제한적인 예로서, 가이드 대 패신저 가닥 비율은 생체내에서 8:2이다. 비제한적인 예로서, 가이드 대 패신저 가닥 비율은 시험관내에서 9:1이다. 비제한적인 예로서, 가이드 대 패신저 가닥 비율은 생체내에서 9:1이다.

[0137] 하나의 구현예에서, 발현되는 가이드 대 패신저(G:P) (또한 안티센스 대 센스로서 언급되는) 가닥 비율은 1 초과이다.

[0138] 하나의 구현예에서, 발현되는 가이드 대 패신저(G:P) (또한 안티센스 대 센스로서 언급되는) 가닥 비율은 2 초과이다.

[0139] 하나의 구현예에서, 발현되는 가이드 대 패신저(G:P) (또한 안티센스 대 센스로서 언급되는) 가닥 비율은 5 초과이다.

[0140] 하나의 구현예에서, 발현되는 가이드 대 패신저(G:P) (또한 안티센스 대 센스로서 언급되는) 가닥 비율은 10 초과이다.

[0141] 하나의 구현예에서, 발현되는 가이드 대 패신저(G:P) (또한 안티센스 대 센스로서 언급되는) 가닥 비율은 20 초과이다.

[0142] 하나의 구현예에서, 발현되는 가이드 대 패신저(G:P) (또한 안티센스 대 센스로서 언급되는) 가닥 비율은 50 초과이다.

[0143] 하나의 구현예에서, 발현되는 가이드 대 패신저(G:P) (또한 안티센스 대 센스로서 언급되는) 가닥 비율은 적어도 3:1이다.

[0144] 하나의 구현예에서, 발현되는 가이드 대 패신저(G:P) (또한 안티센스 대 센스로서 언급되는) 가닥 비율은 적어도 5:1이다.

[0145] 하나의 구현예에서, 발현되는 가이드 대 패신저(G:P) (또한 안티센스 대 센스로서 언급되는) 가닥 비율은 적어도 10:1이다.

[0146] 하나의 구현예에서, 발현되는 가이드 대 패신저(G:P) (또한 안티센스 대 센스로서 언급되는) 가닥 비율은 적어도 20:1이다.

[0147] 하나의 구현예에서, 발현되는 가이드 대 패신저(G:P) (또한 안티센스 대 센스로서 언급되는) 가닥 비율은 적어도 50:1이다.

[0148] 하나의 구현예에서, 발현되는 패신저 대 가이드(P:G) (또한 센스 대 안티센스로서 언급됨) 가닥 비율은 시험관

내 또는 생체내에서 1:10, 1:9, 1:8, 1:7, 1:6, 1:5, 1:4, 1:3, 1:2, 1;1, 2:10, 2:9, 2:8, 2:7, 2:6, 2:5, 2:4, 2:3, 2:2, 2:1, 3:10, 3:9, 3:8, 3:7, 3:6, 3:5, 3:4, 3:3, 3:2, 3:1, 4:10, 4:9, 4:8, 4:7, 4:6, 4:5, 4:4, 4:3, 4:2, 4:1, 5:10, 5:9, 5:8, 5:7, 5:6, 5:5, 5:4, 5:3, 5:2, 5:1, 6:10, 6:9, 6:8, 6:7, 6:6, 6:5, 6:4, 6:3, 6:2, 6:1, 7:10, 7:9, 7:8, 7:7, 7:6, 7:5, 7:4, 7:3, 7:2, 7:1, 8:10, 8:9, 8:8, 8:7, 8:6, 8:5, 8:4, 8:3, 8:2, 8:1, 9:10, 9:9, 9:8, 9:7, 9:6, 9:5, 9:4, 9:3, 9:2, 9:1, 10:10, 10:9, 10:8, 10:7, 10:6, 10:5, 10:4, 10:3, 10:2, 10:1, 1:99, 5:95, 10:90, 15:85, 20:80, 25:75, 30:70, 35:65, 40:60, 45:55, 50:50, 55:45, 60:40, 65:35, 70:30, 75:25, 80:20, 85:15, 90:10, 95:5, 또는 99:1이다. 패신저 대 가이드 비율은 가이드 가닥의 절단 후 패신저 가닥 대 가이드 가닥의 비율을 언급한다. 예를 들어, 80:20 패신저 대 가이드 비율은 전구체로부터 프로세싱되는 2개의 가이드 가닥 마다 8개의 가이드 가닥을 갖는다. 비제한적인 예로서, 패신저 대 가이드 가닥 비율은 시험관내에서 80:20이다. 비제한적인 예로서, 패신저 대 가이드 가닥 비율은 생체내에서 80:20이다. 비제한적인 예로서, 패신저 대 가이드 가닥 비율은 시험관내에서 8:2이다. 비제한적인 예로서, 패신저 대 가이드 가닥 비율은 생체내에서 8:2이다. 비제한적인 예로서, 패신저 대 가이드 가닥 비율은 시험관내에서 9:1이다. 비제한적인 예로서, 패신저 대 가이드 가닥 비율은 생체내에서 9:1이다.

[0149] 하나의 구현예에서, 발현되는 패신저 대 가이드(P:G) (또한 센스 대 안티센스로서 언급되는) 가닥 비율은 1 초과이다.

[0150] 하나의 구현예에서, 발현되는 패신저 대 가이드(P:G) (또한 센스 대 안티센스로서 언급되는) 가닥 비율은 2 초과이다.

[0151] 하나의 구현예에서, 발현되는 패신저 대 가이드(P:G) (또한 센스 대 안티센스로서 언급되는) 가닥 비율은 5 초과이다.

[0152] 하나의 구현예에서, 발현되는 패신저 대 가이드(P:G) (또한 센스 대 안티센스로서 언급되는) 가닥 비율은 10 초과이다.

[0153] 하나의 구현예에서, 발현되는 패신저 대 가이드(P:G) (또한 센스 대 안티센스로서 언급되는) 가닥 비율은 20 초과이다.

[0154] 하나의 구현예에서, 발현되는 패신저 대 가이드(P:G) (또한 센스 대 안티센스로서 언급되는) 가닥 비율은 50 초과이다.

[0155] 하나의 구현예에서, 발현되는 패신저 대 가이드(P:G) (또한 센스 대 안티센스로서 언급되는) 가닥 비율은 적어도 3:1이다.

[0156] 하나의 구현예에서, 발현되는 패신저 대 가이드(P:G) (또한 센스 대 안티센스로서 언급되는) 가닥 비율은 적어도 5:1이다.

[0157] 하나의 구현예에서, 발현되는 패신저 대 가이드(P:G) (또한 센스 대 안티센스로서 언급되는) 가닥 비율은 적어도 10:1이다.

[0158] 하나의 구현예에서, 발현되는 패신저 대 가이드(P:G) (또한 센스 대 안티센스로서 언급되는) 가닥 비율은 적어도 20:1이다.

[0159] 하나의 구현예에서, 발현되는 패신저 대 가이드(P:G) (또한 센스 대 안티센스로서 언급되는) 가닥 비율은 적어도 50:1이다.

[0160] 하나의 구현예에서, 패신저-가이드 가닥 듀플렉스는 pri- 또는 pre-마이크로RNA가, 당업계에 공지되고 본원에 기재된 방법에서 프로세싱의 측정시 가이드 대 패신저 가닥 비율의 2배 초과임을 입증하는 경우 효과적인 것으로 고려된다. 비제한적인 예로서, pri- 또는 pre-마이크로RNA는 프로세싱의 측정시 가이드 가닥 대 패신저 가닥 비율이 2-배, 3-배, 4-배, 5-배, 6-배, 7-배, 8-배, 9-배, 10-배, 11-배, 12-배, 13-배, 14-배, 15-배 초과, 또는 2 내지 5-배, 2 내지 10-배, 2 내지 15-배, 3 내지 5-배, 3 내지 10-배, 3 내지 15-배, 4 내지 5-배, 4 내지 10-배, 4 내지 15-배, 5 내지 10-배, 5 내지 15-배, 6 내지 10-배, 6 내지 15-배, 7 내지 10-배, 7 내지 15-배, 8 내지 10-배, 8 내지 15-배, 9 내지 10-배, 9 내지 15-배, 10 내지 15-배, 11 내지 15-배, 12 내지 15-배, 13 내지 15-배, 또는 14 내지 15-배임을 입증한다.

[0161] 하나의 구현예에서, dsRNA를 암호화하는 벡터 게놈은 작제물의 전장의 적어도 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 99% 초과인 서열을 포함한다. 비제한적인 예로서, 벡터 게놈은 작제물의 전장 서열의 적어

도 80%인 서열을 포함한다.

[0162] 하나의 구현예에서, siRNA 분자는 HTT 서열 상의 적어도 하나의 엑손을 표적화함에 의해 야생형 또는 돌연변이체 HTT를 사일런싱하기 위해 사용될 수 있다. 엑손은 엑손 1, 엑손 2, 엑손 3, 엑손 4, 엑손 5, 엑손 6, 엑손 7, 엑손 8, 엑손 9, 엑손 10, 엑손 11, 엑손 12, 엑손 13, 엑손 14, 엑손 15, 엑손 16, 엑손 17, 엑손 18, 엑손 19, 엑손 20, 엑손 21, 엑손 22, 엑손 23, 엑손 24, 엑손 25, 엑손 26, 엑손 27, 엑손 28, 엑손 29, 엑손 30, 엑손 31, 엑손 32, 엑손 33, 엑손 34, 엑손 35, 엑손 36, 엑손 37, 엑손 38, 엑손 39, 엑손 40, 엑손 41, 엑손 42, 엑손 43, 엑손 44, 엑손 45, 엑손 46, 엑손 47, 엑손 48, 엑손 49, 엑손 50, 엑손 51, 엑손 52, 엑손 53, 엑손 54, 엑손 55, 엑손 56, 엑손 57, 엑손 58, 엑손 59, 엑손 60, 엑손 61, 엑손 62, 엑손 63, 엑손 64, 엑손 65, 엑손 66, 및/또는 엑손 67일 수 있다. 비제한적인 예로서, siRNA 분자는 엑손 1을 표적화함에 의해 야생형 또는 돌연변이체 HTT를 사일런싱하기 위해 사용될 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, siRNA 분자는 엑손 1 이외의 다른 엑손을 표적화함에 의해 야생형 또는 돌연변이체 HTT를 사일런싱하기 위해 사용될 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, siRNA 분자는 엑손 50을 표적화함에 의해 야생형 또는 돌연변이체 HTT를 사일런싱하기 위해 사용될 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, siRNA 분자는 엑손 67을 표적화함에 의해 야생형 또는 돌연변이체 HTT를 사일런싱하기 위해 사용될 수 있다.

[0163] 하나의 구현예에서, siRNA 분자는 HTT 서열 상의 적어도 하나의 엑손을 표적화함에 의해 야생형 및/또는 돌연변이체 HTT를 사일런싱하기 위해 사용될 수 있다. 엑손은 엑손 1, 엑손 2, 엑손 3, 엑손 4, 엑손 5, 엑손 6, 엑손 7, 엑손 8, 엑손 9, 엑손 10, 엑손 11, 엑손 12, 엑손 13, 엑손 14, 엑손 15, 엑손 16, 엑손 17, 엑손 18, 엑손 19, 엑손 20, 엑손 21, 엑손 22, 엑손 23, 엑손 24, 엑손 25, 엑손 26, 엑손 27, 엑손 28, 엑손 29, 엑손 30, 엑손 31, 엑손 32, 엑손 33, 엑손 34, 엑손 35, 엑손 36, 엑손 37, 엑손 38, 엑손 39, 엑손 40, 엑손 41, 엑손 42, 엑손 43, 엑손 44, 엑손 45, 엑손 46, 엑손 47, 엑손 48, 엑손 49, 엑손 50, 엑손 51, 엑손 52, 엑손 53, 엑손 54, 엑손 55, 엑손 56, 엑손 57, 엑손 58, 엑손 59, 엑손 60, 엑손 61, 엑손 62, 엑손 63, 엑손 64, 엑손 65, 엑손 66, 및/또는 엑손 67일 수 있다. 비제한적인 예로서, siRNA 분자는 엑손 1을 표적화함에 의해 야생형 및/또는 돌연변이체 HTT를 사일런싱하기 위해 사용될 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, siRNA 분자는 엑손 1 이외의 다른 엑손을 표적화함에 의해 야생형 및/또는 돌연변이체 HTT를 사일런싱하기 위해 사용될 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, siRNA 분자는 엑손 50을 표적화함에 의해 야생형 및/또는 돌연변이체 HTT를 사일런싱하기 위해 사용될 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, siRNA 분자는 엑손 67을 표적화함에 의해 야생형 및/또는 돌연변이체 HTT를 사일런싱하기 위해 사용될 수 있다.

[0164] *siRNA 변형*

[0165] 일부 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자는 전구체 또는 DNA로서 전달되지 않는 경우 이에 제한되지 않지만 생체 내 siRNA의 안정성을 증가시키는 것과 같은 RNA 분자의 일부 특성을 조절하기 위해 화학적으로 변형시킬 수 있다. 화학적으로 변형된 siRNA 분자는 사람 치료학적 적용에 사용될 수 있고 siRNA 분자의 RNAi 활성을 손상시키는 것 없이 개선된다. 비제한적인 예로서, siRNA 분자는 센스 가닥 및 안티센스 가닥 둘 다의 3' 및 5' 말단 둘 다에서 변형된다.

[0166] 일부 양상에서, 본 발명의 siRNA 듀플렉스는 이에 제한되지 않지만 당 변형된 뉴클레오타이드, 뉴클레오염기 변형 및/또는 골격 변형과 같은 하나 이상의 변형된 뉴클레오타이드를 함유할 수 있다. 일부 양상에서, siRNA 분자는 조합된 변형, 예를 들어, 조합된 뉴클레오염기 및 골격 변형을 함유할 수 있다.

[0167] 하나의 구현예에서, 변형된 뉴클레오타이드는 당-변형된 뉴클레오타이드일 수 있다. 당 변형된 뉴클레오타이드는 이에 제한되지 않지만 2'-플루오로, 2'-아미노 및 2'-티오 변형된 리보뉴클레오타이드, 예를 들어, 2'-플루오로 변형된 리보뉴클레오타이드를 포함한다. 변형된 뉴클레오타이드는 당을 갖는 뉴클레오타이드 또는 리보실이 아닌 이의 유사체 뿐만 아니라 당 모이어티 상에서 변형될 수 있다. 예를 들어, 당 모이어티는 만노스, 아라비노스, 글루코피라노스, 갈락토피라노스, 4'-티오리보스 및 다른 당, 헤테로사이클 또는 카보사이클일 수 있거나 이를 기초로 할 수 있다.

[0168] 하나의 구현예에서, 변형된 뉴클레오타이드는 뉴클레오염기-변형된 뉴클레오타이드일 수 있다.

[0169] 하나의 구현예에서, 변형된 뉴클레오타이드는 골격-변형된 뉴클레오타이드일 수 있다. 일부 구현예에서, 본 발명의 siRNA 듀플렉스는 골격 상에 다른 변형을 추가로 포함할 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은 정상 "골격"은 DNA 또는 RNA 분자에서 반복적으로 교호하는 당-포스페이트 서열을 언급한다. 데옥시리보스/리보스 당은 3'-하이드록실 및 5'-하이드록실 그룹 둘 다에서 에스테르 결합으로 포스페이트에 연결되어 있고 또한 "포스포디에스

테르" 결합/링커 (PO 연결)로서 공지되어 있다. PO 골격은 "포스포로티오에이트 골격 (PS 연결)으로서 변형될 수 있다. 일부 경우에, 천연 포스포디에스테르 결합은 아미드 결합에 의해 대체될 수 있지만 2개의 당 유닛 사이에는 4개의 원자가 유지된다. 상기 아미드 변형은 올리고뉴클레오타이드의 고체상 합성을 촉진시킬 수 있고 siRNA 상보체와 형성된 듀플렉스의 열역학적 안정성을 증가시킬 수 있다. 예를 들어, 문헌(Mesmaeker et al., *Pure & Appl. Chem.*, 1997, 3, 437-440)을 참조하고; 이의 내용은 전문이 본원에 참조로 인용된다.

[0170] 변형된 염기는 예를 들어, 하나 이상의 원자 또는 그룹의 대체 또는 부가에 의해 변형된 아데닌, 구아닌, 시토신, 티민, 우라실, 크산틴, 이노신, 및 쿠에우오신과 같은 뉴클레오타이드 염기를 언급한다. 뉴클레오염기 모이어티에 대한 변형의 일부 예는 개별적으로 또는 조합적으로 알킬화되거나, 할로겐화되거나, 티올화되거나, 아민화되거나, 아미드화되거나, 아세틸화된 염기를 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 보다 구체적인 예는 예를 들어, 5-프로피닐우리딘, 5-프로피닐시티딘, 6-메틸아데닌, 6-메틸구아닌, N,N,-디메틸아데닌, 2-프로필아데닌, 2-프로필구아닌, 2-아미노아데닌, 1-메틸이노신, 3-메틸우리딘, 5-메틸시티딘, 5-메틸우리딘 및 5 위치에서 변형을 갖는 다른 뉴클레오타이드, 5-(2-아미노)프로필 우리딘, 5-할로시티딘, 5-할로우리딘, 4-아세틸시티딘, 1-메틸아데노신, 2-메틸아데노신, 3-메틸시티딘, 6-메틸우리딘, 2-메틸구아노신, 7-메틸구아노신, 2,2-디메틸구아노신, 5-메틸아미노에틸우리딘, 5-메틸옥시우리딘, 데아자뉴클레오타이드, 예를 들어, 7-데아자-아데노신, 6-아조우리딘, 6-아조시티딘, 6-아조티미딘, 5-메틸-2-티오우리딘, 다른 티오 염기, 예를 들어, 2-티오우리딘 및 4-티오루이딘 및 2-티오시티딘, 디하이드로우리딘, 슈도우리딘, 쿠에우오신, 아카에오신, 나프틸 및 치환된 나프틸 그룹, 임의의 O- 및 N-알키로하된 퓨린 및 피리미딘, 예를 들어, N6-메틸아데노신, 5-메틸캄보닐메틸우리딘, 우리딘 5-옥시아세트산, 피리딘-4-온, 피리딘-2-온, 페닐 및 변형된 페닐 그룹, 예를 들어, 아미노페놀 또는 2,4,6-트리메톡시 벤젠, G-클램프 뉴클레오타이드로서 작용하는 변형된 시토신, 8-치환된 아데닌 및 구아닌, 5-치환된 우라실 및 티민, 아자피리미딘, 카복시하이드록시알킬 뉴클레오타이드, 카복시알킬아미노알킬 뉴클레오타이드 및 알킬카보닐알킬화된 뉴클레오타이드를 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0171] 하나의 구현예에서, 변형된 뉴클레오타이드는 단지 센스 가닥 상에 있을 수 있다.

[0172] 또 다른 구현예에서, 변형된 뉴클레오타이드는 단지 안티센스 가닥 상에 있을 수 있다.

[0173] 일부 구현예에서, 변형된 뉴클레오타이드는 센스 및 안티센스 가닥 둘 다에 있을 수 있다.

[0174] 일부 구현예에서, 화학적으로 변형된 뉴클레오타이드는 HTT mRNA 서열과 같은 표적 mRNA 서열과 쌍을 형성하는 안티센스 가닥의 능력에 영향을 주지 않는다.

[0175] *분자 스캐폴드*

[0176] 하나의 구현예에서, siRNA 분자는 또한 분자 스캐폴드를 포함하는 조절 폴리뉴클레오타이드에 암호화될 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은 "분자 스캐폴드"는 후속적 분자를 디자인하거나 제조하기 위해 이에 대한 서열 또는 구조적 기반을 형성하는 프레임워크 또는 출발 분자이다.

[0177] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5' 플랭킹 영역을 포함한다. 비제한적인 예로서, 5' 플랭킹 영역은 임의의 길이일 수 있고 야생형 마이크로RNA 서열로부터 전반적으로 또는 부분적으로 유래될 수 있거나 완전히 인공 서열일 수 있는 5' 플랭킹 서열을 포함할 수 있다.

[0178] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 3' 플랭킹 영역을 포함한다. 비제한적인 예로서, 3' 플랭킹 영역은 임의의 길이일 수 있고 야생형 마이크로RNA 서열로부터 전반적으로 또는 부분적으로 유래될 수 있거나 완전히 인공 서열일 수 있는 3' 플랭킹 서열을 포함할 수 있다.

[0179] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 루프 모티프 영역을 포함한다. 비제한적인 예로서, 루프 모티프 영역은 임의의 길이일 수 있는 서열을 포함할 수 있다.

[0180] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 5' 플랭킹 영역, 루프 모티프 영역 및/또는 3' 플랭킹 영역을 포함한다.

[0181] 하나의 구현예에서, 적어도 하나의 페이로드(예를 들어, 본원에 기재된 siRNA, miRNA 또는 다른 RNAi 제제)는 또한 적어도 하나의 분자 스캐폴드를 포함할 수 있는 조절 폴리뉴클레오타이드에 의해 암호화될 수 있다. 분자 스캐폴드는 임의의 길이일 수 있고 야생형 마이크로RNA 서열로부터 전반적으로 또는 부분적으로 유래될 수 있거나 완전히 인공일 수 있는 5' 플랭킹 서열을 포함할 수 있다. 3' 플랭킹 서열은 크기 및 기원에 있어서 5' 플랭킹 서열 및/또는 3'플랭킹 서열을 반영할 수 있다. 어느 하나의 플랭킹 서열은 부재일 수 있다. 3' 플랭킹 서열은 임의로 하나 이상의 CNNC 모티프를 함유할 수 있고, 여기서 "N"은 임의의 뉴클레오타이드를 나타낸다.

[0182] 스템 루프 구조의 스템의 형성은 적어도 하나의 페이로드 서열을 암호화하는 최소의 조절 폴리뉴클레오타이드이다. 일부 구현예에서, 페이로드 서열은 부분적으로 상보적이거나 표적 서열에 하이브리드화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함한다. 일부 구현예에서, 상기 페이로드는 siRNA 분자 또는 siRNA 분자의 단편이다.

[0183] 일부 구현예에서, 조절 폴리뉴클레오타이드의 스템 루프 구조의 5' 아암은 센스 서열을 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 조절 폴리뉴클레오타이드에 의해 암호화될 수 있는 센스 서열, 또는 이의 단편 또는 변이체의 비제한적인 예는 표 2에 기재되어 있다.

[0184] 일부 구현예에서, 조절 폴리뉴클레오타이드의 스템 루프의 3’ 아암은 안티센스 서열을 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 경우에 안티센스 서열은 5’ 최말단에 "G" 뉴클레오타이드를 포함한다. 조절 폴리뉴클레오타이드에 의해 암호화될 수 있는 안티센스 서열, 또는 이의 단편 또는 변이체의 비제한적인 예는 표 3에 기재되어 있다.

[0185] 다른 구현예에서, 센스 서열은 3' 아암 상에 위치할 수 있고 상기 안티센스 서열은 조절 폴리뉴클레오타이드의 스템 루프 구조의 스템의 5' 아암 상에 위치한다. 조절 폴리뉴클레오타이드에 의해 암호화될 수 있는 센스 및 안티센스 서열의 비제한적인 예는 표 2 및 3에 기재되어 있다.

[0186] 하나의 구현예에서, 센스 및 안티센스 서열은 이들 길이의 상당 부분에 걸쳐 완전히 상보적일 수 있다. 다른 구현예에서, 센스 서열 및 안티센스 서열은 독립적으로 상기 가닥 길이의 적어도 50, 60, 70, 80, 85, 90, 95, 또는 99 %에 걸쳐 적어도 70, 80, 90, 95 또는 99%의 상보성일 수 있다.

[0187] 센스 서열의 동일성 또는 안티센스 서열의 상동성은 표적 서열과 100% 상보성일 필요는 없다.

[0188] 하나의 구현예에서, 조절 폴리뉴클레오타이드의 스템 루프 구조의 센스 및 안티센스 서열을 분리하는 것은 루프 서열 (또한 루프 모티프, 링커 또는 링커 모티프로서 공지된)이다. 루프 서열은 4 내지 30 뉴클레오타이드, 4 내지 20 뉴클레오타이드, 4 내지 15 뉴클레오타이드, 5 내지 15 뉴클레오타이드, 6 내지 12 뉴클레오타이드, 6 뉴클레오타이드, 7 뉴클레오타이드, 8 뉴클레오타이드, 9 뉴클레오타이드, 10 뉴클레오타이드, 11 뉴클레오타이드, 12 뉴클레오타이드, 13 뉴클레오타이드, 14 뉴클레오타이드 및/또는 15 뉴클레오타이드의 임의의 길이일 수 있다.

[0189] 일부 구현예에서, 루프 서열은 적어도 하나의 UGUG 모티프를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 구현예에서, UGUG 모티프를 암호화하는 핵산 서열은 루프 서열의 5' 말단에 위치한다.

[0190] 하나의 구현예에서, 스페이서 영역은 하나 이상의 모듈 (예를 들어, 5' 플랭킹 영역, 루프 모티프 영역, 3' 플랭킹 영역, 센스 서열, 안티센스 서열)을 서로 격리하기 위해 조절 폴리뉴클레오타이드에 존재할 수 있다. 하나 이상의 상기 스페이서 영역이 존재할 수 있다.

[0191] 하나의 구현예에서, 8-20, 즉, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 또는 20 뉴클레오타이드의 스페이서 영역은 센스 서열과 플랭킹 영역 서열 사이에 존재할 수 있다.

[0192] 하나의 구현예에서, 스페이서 영역의 길이는 13 뉴클레오타이드이고 센스 서열의 5' 말단과 플랭킹 서열의 3' 말단 사이에 위치한다. 하나의 구현예에서, 스페이서는 서열의 대략 하나의 나선 턴을 형성하기 위해 충분한 길이를 갖는다.

[0193] 하나의 구현예에서, 8-20, 즉, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 또는 20 뉴클레오타이드의 스페이서 영역은 안티센스 서열과 플랭킹 서열 사이에 존재할 수 있다.

[0194] 하나의 구현예에서, 스페이서 영역은 10-13, 즉, 10, 11, 12 또는 13 뉴클레오타이드이고 안티의 3' 말단과 플랭킹 서열의 5' 말단 사이에 위치한다. 하나의 구현예에서, 스페이서는 서열의 대략 하나의 나선 턴을 형성하기 위해 충분한 길이를 갖는다.

[0195] 하나의 구현예에서, 조절 폴리뉴클레오타이드는 5’ 에서 3’ 방향으로 5' 플랭킹 서열, 5' 아암, 루프 모티프, 3' 아암 및 3' 플랭킹 서열을 포함한다. 비제한적인 예로서, 5' 아암은 센스 서열을 포함할 수 있고 3' 아암은 안티센스 서열을 포함한다. 또 다른 비제한적인 예에서, 5' 아암은 안티센스 서열을 포함하고 3' 아암은 센스 서열을 포함한다.

[0196] 하나의 구현예에서, 5' 아암, 페이로드 (예를 들어, 센스 및/또는 안티센스 서열), 루프 모티프 및/또는 3' 아암 서열은 변형될 수 있다 (예를 들어, 1개 이상의 뉴클레오타이드의 치환, 뉴클레오타이드의 부가 및/또는 뉴클레오타이드의 결실). 변형은 작제물의 기능에서 이로운 변화를 유발할 수 있다 (예를 들어, 표적 서열의 녹-

다운을 증가시키고, 작제물의 분해를 감소시키고, 오프 표적 효과를 감소시키고, 페이로드의 효율을 증가시키고 페이로드의 분해를 감소시킨다).

[0197] 하나의 구현예에서, 조절 폴리뉴클레오타이드의 분자 스캐폴드는 가이드 가닥의 절단율이 패신저 가닥의 절단율을 초과하도록 정렬된다. 가이드 또는 패신저 가닥의 절단율은 독립적으로 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 99% 초과일 수 있다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥의 절단율은 적어도 80%이다. 또 다른 비제한적인 예로서, 가이드 가닥의 절단율은 적어도 90%이다.

[0198] 하나의 구현예에서, 가이드 가닥의 절단율은 패신저 가닥의 절단율을 초과한다. 하나의 양상에서, 가이드 가닥의 절단율은 패신저 가닥의 절단율 보다 적어도 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 99% 초과일 수 있다.

[0199] 하나의 구현예에서, 가이드 가닥의 절단 효율은 적어도 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 99% 또는 99% 초과이다. 비제한적인 예로서, 가이드 가닥의 절단 효율은 80% 초과이다.

[0200] 하나의 구현예에서, 가이드 가닥의 절단 효율은 분자 스캐폴드로부터의 패신저 가닥의 절단율을 초과한다. 가이드 가닥의 절단은 분자 스캐폴드로부터의 패신저 가닥의 절단 보다 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 또는 10배 초과일 수 있다.

[0201] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 이원-기능 표적화 조절 폴리뉴클레오타이드를 포함한다. 본원에 사용된 바와 같은 "이원-기능 표적화" 조절 폴리뉴클레오타이드는 가이드 및 패신저 가닥 둘 다가 동일한 표적 또는 가이드를 녹다운시키고 패신저 가닥이 상이한 표적을 녹다운시키는 폴리뉴클레오타이드이다.

[0202] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 조절 폴리뉴클레오타이드의 분자 스캐폴드는 5' 플랭킹 영역, 루프 모티프 영역 및 3' 플랭킹 영역을 포함할 수 있다. 본원에 기재된 조절 폴리뉴클레오타이드에 의해 암호화될 수 있는 5' 플랭킹 영역, 루프 모티프 영역 (또한 링커 영역으로 언급될 수 있는) 및 3' 플랭킹 영역에 대한 서열의 비제한적인 예는 표 6 내지 8에 나타낸다.

[0203] [표 6]

분자 스캐폴드에 대한 5' 플랭킹 영역

5' 플랭킹 영역 명칭	5' 플랭킹 영역 서열	5'플랭킹 영역 서열 번호
5F3	GUGCUGGGCGGGGGGCGGCGGGCCCUCCCGC AGAACACCAUGCGCUCCACGGAA	252
5F1	GUGCUGGGCGGGGGGCGGCGGGCCCUCCCGC AGAACACCAUGCGCUCUUCGGAA	250
5F2	GAAGCAAAGAAGGGGCAGAGGGAGCCCGUG AGCUGAGUGGGCCAGGGACUGGGAGAAGGA GUGAGGAGGCAGGGCCGGCAUGCCUCUGCU GCUGGCCAGA	251
5F4	GGGCCCUCCCGCAGAACACCAUGCGCUCCAC GGAA	253
5F5	CUCCCGCAGAACACCAUGCGCUCCACGGAA	254
5F6	GUGCUGGGCGGGGGGCGGCGGGCCCUCCCGC AGAACACCAUGCGCUCCACGGAAG	255
5F7	GUGCUGGGCGGGGGGCGGCGGGCCCUCCCGC AGAACACCAUGCGCUCCUCGGAA	256

[0204]

[0205] [표 7]

분자 스캐폴드에 대한 루프 모티프 영역

루프 모티프 영역 명칭	루프 모티프 영역 서열	루프 모티프 영역 서열 번호
L5	GUGGCCACUGAGAAG	261
L1	UGUGACCUGG	257
L2	UGUGAUUUGG	258
L3	GUCUGCACCUGUCACUAG	259
L4	GUGACCCAAG	260
L6	GUGACCCAAU	262
L7	GUGACCCAAC	263
L8	GUGGCCACUGAGAAA	264

[0206]

[0207] [표 8]

분자 스캐폴드에 대한 3' 플랭킹 영역

3' 플랭킹 영역 명칭	3' 플랭킹 영역 서열	3' 플랭킹 영역 서열 번호
3F1	CUGAGGAGCGCCUUGACAGCAGCCAUGGGA GGGCCGCCCCCUACCUCAGUGA	265
3F2	CUGUGGAGCGCCUUGACAGCAGCCAUGGGA GGGCCGCCCCCUACCUCAGUGA	266
3F3	UGGCCGUGUAGUGCUACCCAGCGCUGGCUGC CUCCUCAGCAUUGCAAUUCCUCUCCCAUCUG GGCACCAGUCAGCUACCCUGGUGGGAAUCU GGGUAGCC	267
3F4	CUGAGGAGCGCCUUGACAGCAGCCAUGGGA GGGCC	268
3F5	CUGCGGAGCGCCUUGACAGCAGCCAUGGGA GGGCCGCCCCCUACCUCAGUGA	269

[0208]

[0209] U가 T인, 표 6 내지 8에 기재된 임의의 영역 또는 이의 단편은 본원에 기재된 분자 스캐폴드에서 모듈로서 사용될 수 있다.

[0210] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 표 6에 열거된 적어도 하나의 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 5' 플랭킹 영역은 5F1, 5F2, 5F3, 5F4, 5F5, 5F6, 또는 5F7일 수 있다.

[0211] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F1 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0212] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F2 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0213] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F3 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0214] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F4 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0215] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F5 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0216] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F6 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0217] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F7 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0218] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 표 7에 열거된 적어도 하나의 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 루프 모티프 영역은 L1, L2, L3, L4, L5, L6, L7 또는 L8일 수 있다.

[0219] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0220] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0221] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0222] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0223] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0224] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서

열을 포함할 수 있다.

[0225] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0226] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0227] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 표 8에 열거된 적어도 하나의 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 3' 플랭킹 영역은 3F1, 3F2, 3F3, 3F4, 또는 3F5일 수 있다.

[0228] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 3F1 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0229] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 3F2 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0230] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 3F3 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0231] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 3F4 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0232] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 3F5 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0233] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 표 6 및 7에 열거된 바와 같은 적어도 하나의 5' 플랭킹 영역 및 적어도 하나의 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 5' 플랭킹 영역 및 루프 모티프 영역은 5F1 및 L1, 5F1 및 L2, 5F1 및 L3, 5F1 및 L4, 5F1 및 L5, 5F1 및 L6, 5F1 및 L7, 5F1 및 L8, 5F2 및 L1, 5F2 및 L2, 5F2 및 L3, 5F2 및 L4, 5F2 및 L5, 5F2 및 L6, 5F2 및 L7, 5F2 및 L8, 5F3 및 L1, 5F3 및 L2, 5F3 및 L3, 5F3 및 L4, 5F3 및 L5, 5F3 및 L6, 5F3 및 L7, 5F3 및 L8, 5F4 및 L1, 5F4 및 L2, 5F4 및 L3, 5F4 및 L4, 5F4 및 L5, 5F4 및 L6, 5F4 및 L7, 5F4 및 L8, 5F5 및 L1, 5F5 및 L2, 5F5 및 L3, 5F5 및 L4, 5F5 및 L5, 5F5 및 L6, 5F5 및 L7, 5F5 및 L8, 5F6 및 L1, 5F6 및 L2, 5F6 및 L3, 5F6 및 L4, 5F6 및 L5, 5F6 및 L6, 5F6 및 L7, 5F6 및 L8, 5F7 및 L1, 5F7 및 L2, 5F7 및 L3, 5F7 및 L4, 5F7 및 L5, 5F7 및 L6, 5F7 및 L7, 및 5F7 및 L8일 수 있다.

[0234] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F2 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0235] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F1 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0236] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F7 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0237] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F3 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0238] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F3 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0239] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F4 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0240] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F3 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0241] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F5 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0242] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F6 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및

적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0243] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F3 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0244] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F7 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0245] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F2 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0246] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F1 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0247] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F1 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0248] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 표 7 및 8에 기재된 바와 같은 적어도 하나의 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 3' 플랭킹 영역 및 루프 모티프 영역은 3F1 및 L1, 3F1 및 L2, 3F1 및 L3, 3F1 및 L4, 3F1 및 L5, 3F1 및 L6, 3F1 및 L7, 3F1 및 L8, 3F2 및 L1, 3F2 및 L2, 3F2 및 L3, 3F2 및 L4, 3F2 및 L5, 3F2 및 L6, 3F2 및 L7, 3F2 및 L8, 3F3 및 L1, 3F3 및 L2, 3F3 및 L3, 3F3 및 L4, 3F3 및 L5, 3F3 및 L6, 3F3 및 L7, 3F3 및 L8, 3F4 및 L1, 3F4 및 L2, 3F4 및 L3, 3F4 및 L4, 3F4 및 L5, 3F4 및 L6, 3F4 및 L7, 3F4 및 L8, 3F5 및 L1, 3F5 및 L2, 3F5 및 L3, 3F5 및 L4, 3F5 및 L5, 3F5 및 L6, 3F5 및 L7, 및 3F5 및 L8일 수 있다.

[0249] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0250] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0251] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0252] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0253] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0254] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0255] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0256] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0257] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0258] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0259] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0260] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0261] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0262] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 표 6 및 8에 기재된 바와 같은 적어도 하나의 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 플랭킹 영역은 5F1 및 3F1, 5F1 및 3F2, 5F1 및 3F3, 5F1 및 3F4, 5F1 및 3F5, 5F2 및 3F1, 5F2 및 3F2, 5F2 및 3F3, 5F2 및 3F4, 5F2 및 3F5, 5F3 및 3F1, 5F3 및 3F2, 5F3 및 3F3, 5F3 및 3F4, 5F3 및 3F5, 5F4 및 3F1, 5F4 및 3F2, 5F4 및 3F3, 5F4 및 3F4, 5F4 및 3F5, 5F5 및 3F1, 5F5 및 3F2, 5F5 및 3F3, 5F5 및 3F4, 5F5 및 3F5, 5F6 및 3F1, 5F6 및 3F2, 5F6 및 3F3, 5F6 및 3F4, 5F6 및 3F5, 5F7 및 3F1, 5F7 및 3F2, 5F7 및 3F3, 5F7 및 3F4, 및 5F7 및 3F5일 수 있다.

[0263] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F2 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0264] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F1 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0265] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F7 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0266] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F3 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0267] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F4 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0268] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F5 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0269] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F6 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0270] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F2 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0271] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F3 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0272] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F1 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0273] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 표 6 내지 8에 기재된 바와 같은 적어도 하나의 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 플랭킹 및 루프 모티프 영역은 5F1, L1 및 3F1; 5F1, L1 및 3F2; 5F1, L1 및 3F3; 5F1, L1 및 3F4; 5F1, L1 및 3F5; 5F2, L1 및 3F1; 5F2, L1 및 3F2; 5F2, L1 및 3F3; 5F2, L1 및 3F4; 5F2, L1 및 3F5; 5F3, L1 및 3F3; 5F3, L1 및 3F2; 5F3, L1 및 3F3; 5F3, L1 및 3F4; 5F3, L1 및 3F5; 5F4, L1 및 3F4; 5F4, L1 및 3F2; 5F4, L1 및 3F3; 5F4, L1 및 3F4; 5F4, L1 및 3F5; 5F5, L1 및 3F1; 5F5, L1 및 3F2; 5F5, L1 및 3F3; 5F5, L1 및 3F4; 5F5, L1 및 3F5; 5F6, L1 및 3F1; 5F6, L1 및 3F2; 5F6, L1 및 3F3; 5F6, L1 및 3F4; 5F6, L1 및 3F5; 5F7, L1 및 3F1; 5F7, L1 및 3F2; 5F7, L1 및 3F3; 5F7, L1 및 3F4; 5F7, L1 및 3F5; 5F1, L2 및 3F1; 5F1, L2 및 3F2; 5F1, L2 및 3F3; 5F1, L2 및 3F4; 5F1, L2 및 3F5; 5F2, L2 및 3F1; 5F2, L2 및 3F2; 5F2, L2 및 3F3; 5F2, L2 및 3F4; 5F2, L2 및 3F5; 5F3, L2 및 3F1; 5F3, L2 및 3F2; 5F3, L2 및 3F3; 5F3, L2 및 3F4; 5F3, L2 및 3F5; 5F4, L2 및 3F1; 5F4, L2 및 3F2; 5F4, L2 및 3F3; 5F4, L2 및 3F4; 5F4, L2 및 3F5; 5F5, L2 및 3F1; 5F5, L2 및 3F2; 5F5, L2 및 3F3; 5F5, L2 및 3F4; 5F5, L2 및 3F5; 5F6, L2 및 3F1; 5F6, L2 및 3F2; 5F6, L2 및 3F3; 5F6, L2 및 3F4; 5F6, L2 및 3F5; 5F7, L2 및 3F1; 5F7, L2 및 3F2; 5F7, L2 및 3F3; 5F7, L2 및 3F4; 5F7, L2 및 3F5; 5F1, L3 및 3F1; 5F1, L3 및 3F2; 5F1, L3 및 3F3; 5F1, L3 및 3F4; 5F1, L3 및 3F5; 5F2, L3 및 3F1; 5F2, L3 및 3F2; 5F2, L3 및 3F3; 5F2, L3 및 3F4; 5F2, L3 및 3F5; 5F3, L3 및 3F1; 5F3, L3 및 3F2; 5F3, L3 및 3F3; 5F3, L3 및 3F4; 5F3, L3 및 3F5; 5F4, L3 및 3F1; 5F4, L3 및 3F2;

5F4, L3 및 3F3; 5F4, L3 및 3F4; 5F4, L3 및 3F5; 5F5, L3 및 3F1; 5F5, L3 및 3F2; 5F5, L3 및 3F3; 5F5, L3 및 3F4; 5F5, L3 및 3F5; 5F6, L3 및 3F1; 5F6, L3 및 3F2; 5F6, L3 및 3F3; 5F6, L3 및 3F4; 5F6, L3 및 3F5; 5F7, L3 및 3F1; 5F7, L3 및 3F2; 5F7, L3 및 3F3; 5F7, L3 및 3F4; 5F7, L3 및 3F5; 5F1, L4 및 3F1; 5F1, L4 및 3F2; 5F1, L4 및 3F3; 5F1, L4 및 3F4; 5F1, L4 및 3F5; 5F2, L4 및 3F1; 5F2, L4 및 3F2; 5F2, L4 및 3F3; 5F2, L4 및 3F4; 5F2, L4 및 3F5; 5F3, L4 및 3F1; 5F3, L4 및 3F2; 5F3, L4 및 3F3; 5F3, L4 및 3F4; 5F3, L4 및 3F5; 5F4, L4 및 3F1; 5F4, L4 및 3F2; 5F4, L4 및 3F3; 5F4, L4 및 3F4; 5F4, L4 및 3F5; 5F5, L4 및 3F1; 5F5, L4 및 3F2; 5F5, L4 및 3F3; 5F5, L4 및 3F4; 5F5, L4 및 3F5; 5F6, L4 및 3F1; 5F6, L4 및 3F2; 5F6, L4 및 3F3; 5F6, L4 및 3F4; 5F6, L4 및 3F5; 5F7, L4 및 3F1; 5F7, L4 및 3F2; 5F7, L4 및 3F3; 5F7, L4 및 3F4; 5F7, L4 및 3F5; 5F1, L5 및 3F1; 5F1, L5 및 3F2; 5F1, L5 및 3F3; 5F1, L5 및 3F4; 5F1, L5 및 3F5; 5F2, L5 및 3F1; 5F2, L5 및 3F2; 5F2, L5 및 3F3; 5F2, L5 및 3F4; 5F2, L5 및 3F5; 5F3, L5 및 3F1; 5F3, L5 및 3F2; 5F3, L5 및 3F3; 5F3, L5 및 3F4; 5F3, L5 및 3F5; 5F4, L5 및 3F1; 5F4, L5 및 3F2; 5F4, L5 및 3F3; 5F4, L5 및 3F4; 5F4, L5 및 3F5; 5F5, L5 및 3F1; 5F5, L5 및 3F2; 5F5, L5 및 3F3; 5F5, L5 및 3F4; 5F5, L5 및 3F5; 5F6, L5 및 3F1; 5F6, L5 및 3F2; 5F6, L5 및 3F3; 5F6, L5 및 3F4; 5F6, L5 및 3F5; 5F7, L5 및 3F1; 5F7, L5 및 3F2; 5F7, L5 및 3F3; 5F7, L5 및 3F4; 5F7, L5 및 3F5; 5F1, L6 및 3F1; 5F1, L6 및 3F2; 5F1, L6 및 3F3; 5F1, L6 및 3F4; 5F1, L6 및 3F5; 5F2, L6 및 3F1; 5F2, L6 및 3F2; 5F2, L6 및 3F3; 5F2, L6 및 3F4; 5F2, L6 및 3F5; 5F3, L6 및 3F1; 5F3, L6 및 3F2; 5F3, L6 및 3F3; 5F3, L6 및 3F4; 5F3, L6 및 3F5; 5F4, L6 및 3F1; 5F4, L6 및 3F2; 5F4, L6 및 3F3; 5F4, L6 및 3F4; 5F4, L6 및 3F5; 5F5, L6 및 3F1; 5F5, L6 및 3F2; 5F5, L6 및 3F3; 5F5, L6 및 3F4; 5F5, L6 및 3F5; 5F6, L6 및 3F1; 5F6, L6 및 3F2; 5F6, L6 및 3F3; 5F6, L6 및 3F4; 5F6, L6 및 3F5; 5F7, L6 및 3F1; 5F7, L6 및 3F2; 5F7, L6 및 3F3; 5F7, L6 및 3F4; 5F7, L6 및 3F5; 5F1, L7 및 3F1; 5F1, L7 및 3F2; 5F1, L7 및 3F3; 5F1, L7 및 3F4; 5F1, L7 및 3F5; 5F2, L7 및 3F1; 5F2, L7 및 3F2; 5F2, L7 및 3F3; 5F2, L7 및 3F4; 5F2, L7 및 3F5; 5F3, L7 및 3F1; 5F3, L7 및 3F2; 5F3, L7 및 3F3; 5F3, L7 및 3F4; 5F3, L7 및 3F5; 5F4, L7 및 3F1; 5F4, L7 및 3F2; 5F4, L7 및 3F3; 5F4, L7 및 3F4; 5F4, L7 및 3F5; 5F5, L7 및 3F1; 5F5, L7 및 3F2; 5F5, L7 및 3F3; 5F5, L7 및 3F4; 5F5, L7 및 3F5; 5F6, L7 및 3F1; 5F6, L7 및 3F2; 5F6, L7 및 3F3; 5F6, L7 및 3F4; 5F6, L7 및 3F5; 5F7, L7 및 3F1; 5F7, L7 및 3F2; 5F7, L7 및 3F3; 5F7, L7 및 3F4; 5F7, L7 및 3F5; 5F1, L8 및 3F1; 5F1, L8 및 3F2; 5F1, L8 및 3F3; 5F1, L8 및 3F4; 5F1, L8 및 3F5; 5F2, L8 및 3F1; 5F2, L8 및 3F2; 5F2, L8 및 3F3; 5F2, L8 및 3F4; 5F2, L8 및 3F5; 5F3, L8 및 3F1; 5F3, L8 및 3F2; 5F3, L8 및 3F3; 5F3, L8 및 3F4; 5F3, L8 및 3F5; 5F4, L8 및 3F1; 5F4, L8 및 3F2; 5F4, L8 및 3F3; 5F4, L8 및 3F4; 5F4, L8 및 3F5; 5F5, L8 및 3F1; 5F5, L8 및 3F2; 5F5, L8 및 3F3; 5F5, L8 및 3F4; 5F5, L8 및 3F5; 5F6, L8 및 3F1; 5F6, L8 및 3F2; 5F6, L8 및 3F3; 5F6, L8 및 3F4; 5F6, L8 및 3F5; 5F7, L8 및 3F1; 5F7, L8 및 3F2; 5F7, L8 및 3F3; 5F7, L8 및 3F4; 및 5F7, L8 및 3F5일 수 있다.

[0274] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F2 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0275] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F1 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0276] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F7 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L8 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0277] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F3 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0278] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F3 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0279] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F4 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 플

랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0280] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F3 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L7 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0281] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F5 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0282] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F6 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0283] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F3 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L6 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0284] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F7 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L4 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F5 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0285] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F2 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0286] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F2 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0287] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F3 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L5 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F4 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0288] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F1 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0289] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F1 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L2 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F1 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0290] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F1 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L1 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F2 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0291] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 적어도 하나의 5F2 5' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열, 적어도 하나의 L3 루프 모티프 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열 및 적어도 하나의 3F3 3' 플랭킹 영역을 암호화하는 적어도 하나의 핵산 서열을 포함할 수 있다.

[0292] 하나의 구현예에서, 조절 폴리뉴클레오타이드는 표 9 및 10에 기재된 바와 같은 5' 및 3' 플랭킹 영역, 루프 모티프 영역, 센스 서열 및 안티센스 서열을 암호화하는 핵산 서열을 포함할 수 있다. 표 9 및 10에서, 패신저 및 가이드 가닥 및 5' 및 3' 플랭킹 영역 및 루프 영역 (또한 링커 영역으로서 언급됨)이 기재되어 있다. 표 9 및 10에서, 서열명의 "miR" 성분은 필연적으로 miRNA 유전자의 서열 넘버링에 상응하지 않는다(예를 들어, VOYHTmiR-102는 서열명이고 필연적으로 miR-102가 서열의 일부임을 의미하지 않는다).

[0293] [표 9]

패신저 및 가이드 서열 (5'-3')을 함유하는 Pri--miRNA 카세트

명칭	5' 플랭킹에서 3' 플랭킹 서열 번호	5' 플랭킹 서열 번호	패신저 서열 번호	루프 (링커) 서열 번호	가이드 서열 번호	3'플랭킹 서열 번호
VOYHTmiR-102.214	270	250	120	257	11	265
VOYHTmiR-104.214	271	250	127	257	11	265
VOYHTmiR-109.214	272	250	135	258	11	265
VOYHTmiR-114.214	273	250	145	257	11	266
VOYHTmiR-116.214	274	250	135	257	11	266
VOYHTmiR-127.214	275	251	135	259	5	267
VOYHTmiR-102.218	276	250	121	257	13	265
VOYHTmiR-104.218	277	250	128	257	13	265
VOYHTmiR-109.218	278	250	137	258	13	265
VOYHTmiR-114.218	279	250	146	257	13	266
VOYHTmiR-116.218	280	250	137	257	13	266
VOYHTmiR-127.218	281	251	137	259	13	267
VOYHTmiR-102.219.o	282	250	103	257	3	265
VOYHTmiR-104.219.o	283	250	106	257	3	265
VOYHTmiR-109.219.o	284	250	103	258	3	265
VOYHTmiR-114.219	285	250	109	257	3	266
VOYHTmiR-116.219.o	286	250	112	257	3	266
VOYHTmiR-127.219.o	287	251	103	259	3	267
VOYHTmiR-102.219.n	288	250	116	257	3	265
VOYHTmiR-104.219.n	289	250	117	257	3	265
VOYHTmiR-109.219.n	290	250	116	258	3	265
VOYHTmiR-116.219.n	291	250	118	257	3	266
VOYHTmiR-127.219.n	292	251	116	259	3	267
VOYHTmiR-102.257	293	250	122	257	15	265
VOYHTmiR-104.257	294	250	129	257	15	265
VOYHTmiR-109.257	295	250	138	258	15	265
VOYHTmiR-114.257	296	250	147	257	15	266
VOYHTmiR-116.257	297	250	138	257	15	266
VOYHTmiR-127.257	298	251	138	259	15	267
VOYHTmiR-102.894	299	250	104	257	5	265
VOYHTmiR-104.894	300	250	107	257	5	265
VOYHTmiR-109.894	301	250	104	258	5	265
VOYHTmiR-114.894	302	250	110	257	5	266
VOYHTmiR-116.894	303	250	113	257	5	266
VOYHTmiR-127.894	304	251	104	259	5	267
VOYHTmiR-102.907	305	250	125	257	21	265
VOYHTmiR-104.907	306	250	132	257	21	265
VOYHTmiR-109.907	307	250	142	258	21	265
VOYHTmiR-114.907	308	250	150	257	21	266
VOYHTmiR-116.907	309	250	142	257	21	266
VOYHTmiR-127.907	310	251	142	259	21	267
VOYHTmiR-102.372	311	250	123	257	17	265
VOYHTmiR-104.372	312	250	130	257	17	265
VOYHTmiR-109.372	313	250	139	258	17	265
VOYHTmiR-114.372	314	250	148	257	17	266
VOYHTmiR-116.372	315	250	139	257	17	266
VOYHTmiR-127.372	316	251	139	259	17	267

[0294]

VOYHTmiR-102.425	317	250	124	257	19	265
VOYHTmiR-104.425	318	250	131	257	19	265
VOYHTmiR-109.425	319	250	140	258	19	265
VOYHTmiR-114.425	320	250	149	257	19	266
VOYHTmiR-116.425	321	250	140	257	19	266
VOYHTmiR-127.425	322	251	140	259	19	267
VOYHTmiR-102.032	323	250	152	257	25	265
VOYHTmiR-104.032	324	250	154	257	25	265
VOYHTmiR-109.032	325	250	157	258	25	265
VOYHTmiR-114.032	326	250	160	257	25	266
VOYHTmiR-116.032	327	250	157	257	25	266
VOYHTmiR-127.032	328	251	157	259	25	267
VOYHTmiR-102.020	329	250	151	257	23	265
VOYHTmiR-104.020	330	250	153	257	23	265
VOYHTmiR-109.020	331	250	155	258	23	265
VOYHTmiR-114.020	332	250	159	257	23	266
VOYHTmiR-116.020	333	250	155	257	23	266
VOYHTmiR-127.020	334	251	155	259	23	267
VOYHTmiR-102.016	335	250	119	257	9	265
VOYHTmiR-104.016	336	250	126	257	9	265
VOYHTmiR-109.016	337	250	133	258	9	265
VOYHTmiR-114.016	338	250	144	257	9	266
VOYHTmiR-116.016	339	250	133	257	9	266
VOYHTmiR-127.016	340	251	133	259	9	267
VOYHTmiR-102.579	341	250	105	257	7	265
VOYHTmiR-104.579	342	250	108	257	7	265
VOYHTmiR-109.579	343	250	105	258	7	265
VOYHTmiR-114.579	344	250	111	257	7	266
VOYHTmiR-116.579	345	250	114	257	7	266
VOYHTmiR-127.579	346	251	105	259	7	267
VOYHTmiR-104.579.1	347	250	168	260	7	265
VOYHTmiR-104.579.2	348	252	168	260	7	265
VOYHTmiR-104.579.3	349	252	168	261	7	265
VOYHTmiR-104.579.4	350	253	168	260	7	268
VOYHTmiR-104.579.6	351	254	168	260	7	268
VOYHTmiR-104.579.7	352	255	168	260	29	265
VOYHTmiR-104.579.8	353	252	169	262	7	265
VOYHTmiR-104.579.9	354	256	168	260	7	269
VOYHTmiR-102.020	355	250	151	257	23	265
VOYHTmiR-102.032	356	250	152	257	25	265
VOYHTmiR-104.020	357	250	153	257	23	265
VOYHTmiR-104.032	358	250	154	257	25	265
VOYHTmiR-109.020	359	250	155	258	23	265
VOYHTmiR-109.032	360	250	157	258	25	265
VOYHTmiR-114.020	361	250	159	257	23	266
VOYHTmiR-114.032	362	250	160	257	25	266
VOYHTmiR-116.020	363	250	155	257	23	266
VOYHTmiR-116.032	364	250	157	257	25	266
VOYHTmiR-127.020	365	251	155	259	23	267
VOYHTmiR-127.032	366	251	157	259	25	267

[0295]

[0296] [표 10]

가이드 및 패신저 서열 (5'-3')을 함유하는 Pri-miRNA 카세트

명칭	5' 플랭킹에서 3' 플랭킹 서열 번호	5' 플랭킹 서열 번호	가이드 서열 번호	루프 서열 번호	패신저 서열 번호	3' 플랭킹 서열 번호
VOYHTmiR-104.579.5	367	252	170	263	30	265
VOYHTmiR-104.579.10	368	256	171	264	7	279

[0297]

[0298] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 당업계에 공지된 하나 이상의 링커를 포함할 수 있다. 링커는 다른 것으로부터 영역 또는 하나의 분자 스캐폴드를 분리시킬 수 있다. 비제한적인 예로서, 분자 스캐폴드는 폴리시스트론성일 수 있다.

[0299] 하나의 구현예에서, 조절 폴리뉴클레오타이드는 하기의 성질 중 적어도 하나를 사용하여 디자인된다: 루프 변이체, 시드 미스매치/벌지(bulge)/워블(wobble) 변이체, 스템 미스매치, 루프 변이체 및 바살(vassal) 스템 미스매치 변이체, 시드 미스매치 및 기저 스템 미스매치 변이체, 스템 미스매치 및 기저 스템 미스매치 변이체, 또는 시드 워블 및 기저 줄기 워블 변이체 또는 줄기 서열 변이체를 사용하여 디자인된다.

[0300] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 천연 pri-miRNA 스캐폴드일 수 있다. 비제한적인 예로서, 분자 스캐폴드는 사람 miR155 스캐폴드로부터 유래된 스캐폴드일 수 있다.

[0301] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 CMV 프로모터, 이의 단편 또는 변이체의 다운스트림에 위치할 수 있다.

[0302] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 CBA 프로모터, 이의 단편 또는 변이체의 다운스트림에 위치할 수 있다.

[0303] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 CMV 프로모터의 다운스트림에 위치한 천연 pri-miRNA 스캐폴드일 수 있다. 비제한적인 예로서, 천연 pri-miRNA 스캐폴드는 사람 miR155 스캐폴드로부터 유래된다.

[0304] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드는 CBA 프로모터의 다운스트림에 위치한 천연 pri-miRNA 스캐폴드일 수 있다.

[0305] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드 및 조절 폴리뉴클레오타이드의 선택은 pri-miRNA에서 조절 폴리뉴클레오타이드를 비교하는 방법에 의해 결정된다(예를 들어, 문헌(Miniarikova et al. *Design, Characterization, and Lead Selection of Therapeutic miRNAs Targeting Huntingtin for Development of Gene Therapy for Huntington's Disease*. Molecular Therapy-Nucleic Acids (2016) 5, e297 and International Publication No. WO2016102664)에 의해 기재된 방법; 이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다). 조절 폴리뉴클레오타이드는 이에 제한되지 않지만 표적화 엑손 1, CAG 반복체, 엑손 50에서 SNP rs362331 및/또는 엑손 67에서 SNP rs362307을 포함할 수 있다. 조절 폴리뉴클레오타이드의 활성을 평가하기 위해, 사용될 수 있는 분자 스캐폴드는 사람 pri-miRNA 스캐폴드 (예를 들어, miR155 스캐폴드)이고 프로모터는 CMV일 수 있다. 활성은 HEK293T 세포 및 리포터 (예를 들어, 루시퍼라제)를 사용하여 시험관내에서 결정될 수 있다. 엑손 1 표적화를 위해, 조절 폴리뉴클레오타이드는 녹다운이 80% 이상인 경우 HTT 녹다운에서 효율적인 것으로 결정된다. CAG 표적화를 위해, 조절 폴리뉴클레오타이드는 녹다운이 적어도 60%인 경우 HTT 녹다운에서 효율적인 것으로 결정된다. SNP 표적화를 위해, 조절 폴리뉴클레오타이드는 녹다운이 적어도 60%인 경우 HTT 녹다운에서 효율적인 것으로 결정된다. CAG 반복체에 대한 대립유전자 선택성 또는 SNP 표적화를 위해, 조절 폴리뉴클레오타이드는 대립유전자 선택성을 개선하기 위해 적어도 1개의 치환을 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 치환은 G 또는 C가 T 또는 상응하는 U 및 A로 대체된 것이거나 T/U가 C로 대체된 것일 수 있다.

[0306] 조절 폴리뉴클레오타이드에 대한 최적의 분자 스캐폴드를 평가하기 위해, 조절 폴리뉴클레오타이드는 CAG 프로모터와 함께 pri-miRNA 스캐폴드에 사용된다. 작제물은 50 ng에서 리포터(예를 들어, 루시퍼라제 리포터)와 동시 형질감염된다. 50 ng의 동시 형질감염에서 80% 초과의 녹다운을 갖는 작제물이 효율적인 것으로 고려된다. 하나의 양상에서, 강한 가이드-가닥 활성을 갖는 작제물이 바람직하다. 하나의 양상에서, 강한 패신저-가닥 활성을 갖는 작제물이 바람직하다. 분자 스캐폴드는 NGS에 의해 HEK293T 세포에서 프로세싱하여 가이드-패신저 비율 및 프로세싱 가변성을 결정할 수 있다.

[0307] 생체내 분자 스캐폴드 및 조절 폴리뉴클레오타이드를 평하하기 위해, 조절 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 분자 스캐폴드는 AAV에 패키징되고(예를 들어, 혈청형은 AAV5일 수 있고(예를 들어, 문헌(WO2015060722)에 기재된 방법 및 작제물 참조하고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)) 생체내 모델(예를 들어, Hu128/21 HD 마우스)에 투여되고 가이드-패신저 비율, 5'및 3' 말단 프로세싱, 가이드 및 패신저 가닥의 전도, 및 녹다운은 모델의 상이한 영역에서 결정될 수 있다.

[0308] 하나의 구현예에서, 분자 스캐폴드 및 조절 폴리뉴클레오타이드의 선택은 천연 pri-miRNA 및 합성 pri-miRNA에서 조절 폴리뉴클레오타이드를 비교하는 방법에 의해 결정된다. 조절 폴리뉴클레오타이드는 이에 제한되지 않지만 1 엑손 이외의 다른 엑손을 표적화함을 포함할 수 있다. 조절 폴리뉴클레오타이드의 활성을 평가하기 위해, 분자 스캐폴드는 CBA 프로모터와 함께 사용된다. 하나의 양상에서, 활성은 시험관내에서 HEK293T 세포, HeLa 세포 및 리포터(예를 들어, 루시퍼라제)를 사용하여 결정될 수 있고 녹다운 효율적 조절 폴리뉴클레오타이드는 시험된 세포에서 적어도 80%의 HTT 녹다운을 보여주었다. 추가로, 가장 효율적인 것으로 고려되는 조절 폴리뉴클레오타이드는 낮거나 유의적 패신저 가닥(p-가닥) 활성을 갖지 않음을 보여주었다. 또 다른 양상에서, 내인성 HTT 녹다운 효율은 HEK293T 세포, HeLa 세포 및 리포터를 사용한 시험관내 형질감염에 의해 평가한다. 효율적인 조절 폴리뉴클레오타이드는 50% 초과의 내인성 HTT 녹다운을 보여준다. 여전히 또 다른 양상에서, 내인성 HTT 녹다운 효능은 감염 (예를 들어, AAV2)에 의해, 상이한 세포 유형(예를 들어, HD 환자로부터의 HEK293, HeLa, 1차 성상교세포, U251 성상교세포, SH-SY5Y 신경세포 및 섬유아세포)에서 평가된다. 효율적인 조절 폴리뉴클레오타이드는 60% 초과의 내인성 HTT 녹다운을 보여준다.

[0309] 생체내 분자 스캐폴드 및 조절 폴리뉴클레오타이드를 평가하기 위해, 조절 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 분자 스캐폴드는 AAV에 패키징되고 생체내 모델(예를 들어, YAC128 HD 마우스)에 투여되고 가이드 대 패신저 비율, 5' 및 3' 말단 프로세싱, 가이드 대 패신저 가닥의 비율은 모델의 상이한 영역(예를 들어, 조직 영역)에서 결정될 수 있다. 분자 스캐폴드는 NGS에 의해 생체내 샘플로부터 프로세싱하여 가이드-패신저 비율 및 프로세싱 가변성을 결정할 수 있다.

[0310] 벡터

[0311] 일부 구현예에서, 본원에 기재된 siRNA 분자는 플라스미드 또는 바이러스 벡터와 같은 벡터에 의해 암호화될 수 있다. 하나의 구현예에서, siRNA 분자는 바이러스 벡터에 의해 암호화된다. 바이러스 벡터는 이에 제한되지 않지만, 헤르페스바이러스(HSV) 벡터, 레트로바이러스 벡터, 아데노바이러스 벡터, 아데노-관련 바이러스 벡터, 렌티바이러스 벡터 등일 수 있다. 일부 특이적 구현예에서, 바이러스 벡터는 AAV 벡터이다.

[0312] *레트로바이러스 벡터*

[0313] 일부 구현예에서, HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 듀플렉스는 레트로바이러스 벡터에 의해 암호화될 수 있다(문헌참조: 예를 들어, 미국 특허 제5,399,346호; 제5,124,263호; 제4,650,764호 및 제4,980,289호; 이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다).

[0314] *아데노바이러스 벡터*

[0315] 아데노바이러스는 생체내에서 핵산을 다양한 세포 유형으로 효율적으로 전달하기 위해 변형될 수 있는 진핵 세포 DNA 바이러스이고 유전자를 신경세포로 표적화하기 위한 것을 포함하는 유전자 치료요법 프로토콜에 광범위하게 사용되어 왔다. 다양한 복제 결함 아데노바이러스 및 최소 아데노바이러스 벡터는 핵산 치료를 위해 보고되었다(문헌참조: 예를 들어, PCT 특허 공개공보 WO199426914, WO 199502697, WO199428152, WO199412649, WO199502697 및 WO199622378; 이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다). 상기 아데노바이러스 벡터는 또한 본 발명의 siRNA 분자를 세포에 전달하기 위해 사용될 수 있다.

[0316] *아데노-관련 바이러스(AAV) 벡터*

[0317] 아데노-관련 바이러스(AAV)는 의존성 파르보바이러스(다른 파르보바이러스와 같이)이고 이는 길이가 약 5000 뉴클레오타이드를 갖는 단일 가닥 비-외피 DNA 바이러스이고 복제에 관여하는 단백질 (Rep) 및 캡시드의 구조적 단백질(Cap)을 암호화하는 2개의 개방 판독 프레임을 함유한다. 개방 판독 프레임은 2개의 역위 말단 반복체(ITR) 서열에 의해 플랭킹되어 있고, 이는 바이러스 게놈의 복제 오리진으로서 작용한다. 추가로, AAV 게놈은 패키징 서열을 함유하고 이는 바이러스 게놈의 AAV 캡시드로의 패키징을 가능하게 한다. AAV 벡터는 감염된 세포에서 생성 감염을 진행하기 위해 보조-헬퍼(예를 들어, 아데노바이러스)를 필요로 한다. 상기 헬퍼 기능의 부재하에, AAV 비리온은 필수적으로 숙주 세포에 진입하지만 세포의 게놈에 통합되지 않는다.

[0318] AAV 벡터는 여러 독특한 특성 때문에 siRNA 전달을 위해 연구되었다. 상기 특성들의 비제한적인 예는 (i) 분열 및 비-분열 세포 둘 다를 감염시키는 능력; (ii) 사람 세포를 포함하는, 검염을 위한 광범위한 숙주 범위; (iii) 임으의 질환과 연관이 없고 감염된 세포에서 복제하는 것으로 보이지 않는 야생형 AAV; (iv) 벡터에 대한 세포 매개된 면역 반응의 부재 및 (v) 이에 의해 장기 유전학적 변화에 대한 잠재성을 감소시키는, 숙주 염색체내 비-통합 성질을 포함한다. 더욱이, AAV 벡터를 사용한 감염은 세포 유전자 발현의 패턴을 변화시키는 것에 대해 최소의 영향을 갖는다(문헌참조: Stilwell and Samulski et al., *Biotechniques*, 2003, 34, 148).

[0319] 전형적으로, siRNA 전달을 위한 AAV 벡터는 재조합 바이러스 벡터일 수 있고 이는 이들이 바이러스 게놈 내에 기능성 Rep 및 Cap 단백질을 암호화하는 서열이 없기 때문에 복제 결손이다. 일부 경우에, 결손 AAV 벡터는 대부분 또는 모든 암호화 서열이 부재일 수 있고 필수적으로 단지 1개 또는 2개의 AAV ITR 서열 및 패키징 서열을 함유한다.

[0320] 하나의 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 포유동물 세포에 도입될 수 있다.

[0321] AAV 벡터는 전달 효율을 증진시키기 위해 변형될 수 있다. 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 상기 변형된 AAV 벡터는 효율적으로 패키징될 수 있고 높은 빈도 및 최소 독성과 함께 표적 세포를 성공적으로 감염시키기 위해 사용될 수 있다.

[0322] 일부 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 사람 혈청형 AAV 벡터일 수 있다. 상기 사람 AAV 벡터는 임의의 공지된 혈청형으로부터, 예를 들어, 혈청형 AAV1-AAV11 중 어느 하나로부터 유래될 수 있다. 비제한적인 예로서, AAV 벡터는 AAV1-유래된 캡시드 내 AAV1-유래된 게놈을 포함하는 벡터; AAV2-유래된 캡시드 내 AAV2-유래된 게놈을 포하하는 벡터; AAV4 유래된 캡시드 내 AAV4-유래된 게놈을 포함하는 벡터; AAV6 유래된 캡시드 내 AAV6-유래된 게놈을 포함하는 벡터 또는 AAV9 유래된 캡시드에서 AAV9-유래된 게놈을 포함하는 벡터일 수 있다.

[0323] 다른 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하기 위한 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 슈도타입 하이브리드 또는 키메라 AAV 벡터일 수 있고 이는 적어도 2개의 상이한 AAV 혈청형으로부터 기원하는 서열 및/또는 성분을 함유한다. 슈도타입된 AAV 벡터는 하나의 AAV 혈청형으로부터 유래된 게놈, 및 상이한 AAV 혈청형으로부터 적어도 부분적으로 유래된 캡시드 단백질을 포함하는 벡터일 수 있다. 비제한적인 예로서, 상기 슈도타입된 AAV 벡터는 AAV1-유래된 캡시드 내 AAV2-유래된 게놈을 포함하는 벡터; 또는 AAV6-유래된 캡시드 내 AAV2-유래된 게놈을 포함하는 벡터; AAV4 유래된 캡시드 내 AAV2-유래된 게놈을 포함하는 벡터; 또는 AAV9 유래된 캡시드 내 AAV2-유래된 게놈을 포함하는 벡터일 수 있다. 유사 양상에서, 본 발명은 임의의 하이브리드 또는 키메라 AAV 벡터를 고려한다.

[0324] 다른 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 사용하여 siRNA 분자를 중추 신경계로 전달할 수 있다(예를 들어, 미국 특허 번호 제6,180,613호; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)

[0325] 일부 양상에서, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 비-바이러스 기원으로부터의 펩타이드를 포함하는 변형된 캡시드를 추가로 포함할 수 있다. 다른 양상에서, AAV 벡터는 암호화된 siRNA 듀프렉스의 뇌 및 척수로의 전달을 촉진시키기 위해 CNS 특이적 키메라 캡시드를 함유할 수 있다. 예를 들어, CNS 트로피즘을 나타내는 AAV 변이체로부터 캡 뉴클레오타이드 서열의 정렬은 가변 영역(VR) 서열 및 구조를 동정하도록 구성될 수 있다.

[0326] 하나의 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 폴리시스트론 분자인 siRNA 분자를 암호화할 수 있다. siRNA 분자는 siRNA 분자의 영역 사이에 하나 이상의 링커를 추가로 포함할 수 있다.

[0327] *자가 상보성 및 단일 가닥 벡터*

[0328] 하나의 구현예에서, 본 발명에 사용되는 AAV 벡터는 단일 가닥 벡터(ssAAV)이다.

[0329] 또 다른 구현예에서, AAV 벡터는 자가-상보성 AAV 벡터(scAAV)일 수 있다. scAAV 벡터는 함께 어닐링하여 이중 가닥 DNA를 형성하는 DNA 가닥 둘 다를 함유한다. 제2 가닥 합성을 생략함에 의해, scAAV는 세포 내 신속한 발현을 허용한다.

[0330] 하나의 구현예에서, 본 발명에 사용되는 AAV 벡터는 ssAAV이다.

[0331] AAV 벡터를 제조하고/하거나 변형시키기 위한 방법은 슈도타입된 AAV 벡터와 같이 당업계에 기재되어 있다(국제 특허 공개공보 WO200028004; WO200123001; WO2004112727; WO 2005005610 및 WO 2005072364, 이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다).

[0332] *AAV 혈청형*

[0333] 본 발명의 AAV 입자는 임의의 천연 또는 재조합 AAV 혈청형을 포함할 수 있거나 이로부터 유래할 수 있다. 본 발명에 따라, AAV 입자는 하기 중 어느 하나로부터 선택되는 혈청형을 사용하거나 이들을 기준으로 할 수 있다: AAV1, AAV2, AAV2G9, AAV3, AAV3a, AAV3b, AAV3-3, AAV4, AAV4-4, AAV5, AAV6, AAV6.1, AAV6.2, AAV6.1.2, AAV7, AAV7.2, AAV8, AAV9, AAV9.11, AAV9.13, AAV9.16, AAV9.24, AAV9.45, AAV9.47, AAV9.61, AAV9.68, AAV9.84, AAV9.9, AAV10, AAV11, AAV12, AAV16.3, AAV24.1, AAV27.3, AAV42.12, AAV42-1b, AAV42-2, AAV42-3a, AAV42-3b, AAV42-4, AAV42-5a, AAV42-5b, AAV42-6b, AAV42-8, AAV42-10, AAV42-11, AAV42-12, AAV42-13, AAV42-15, AAV42-aa, AAV43-1, AAV43-12, AAV43-20, AAV43-21, AAV43-23, AAV43-25, AAV43-5, AAV44.1, AAV44.2, AAV44.5, AAV223.1, AAV223.2, AAV223.4, AAV223.5, AAV223.6, AAV223.7, AAV1-7/rh.48, AAV1-8/rh.49, AAV2-15/rh.62, AAV2-3/rh.61, AAV2-4/rh.50, AAV2-5/rh.51, AAV3.1/hu.6, AAV3.1/hu.9, AAV3-9/rh.52, AAV3-11/rh.53, AAV4-8/r11.64, AAV4-9/rh.54, AAV4-19/rh.55, AAV5-3/rh.57, AAV5-22/rh.58, AAV7.3/hu.7, AAV16.8/hu.10, AAV16.12/hu.11, AAV29.3/bb.1, AAV29.5/bb.2, AAV106.1/hu.37, AAV114.3/hu.40, AAV127.2/hu.41, AAV127.5/hu.42, AAV128.3/hu.44, AAV130.4/hu.48, AAV145.1/hu.53, AAV145.5/hu.54, AAV145.6/hu.55, AAV161.10/hu.60, AAV161.6/hu.61, AAV33.12/hu.17, AAV33.4/hu.15, AAV33.8/hu.16, AAV52/hu.19, AAV52.1/hu.20, AAV58.2/hu.25, AAVA3.3, AAVA3.4, AAVA3.5, AAVA3.7, AAVC1, AAVC2, AAVC5, AAV-DJ, AAV-DJ8, AAVF3, AAVF5, AAVH2, AAVrh.72, AAVhu.8, AAVrh.68, AAVrh.70, AAVpi.1, AAVpi.3, AAVpi.2, AAVrh.60, AAVrh.44, AAVrh.65, AAVrh.55, AAVrh.47, AAVrh.69, AAVrh.45, AAVrh.59, AAVhu.12, AAVH6, AAVLK03, AAVH-1/hu.1, AAVH-5/hu.3, AAVLG-10/rh.40, AAVLG-4/rh.38, AAVLG-9/hu.39,

AAVN721-8/rh.43, AAVCh.5, AAVCh.5R1, AAVcy.2, AAVcy.3, AAVcy.4, AAVcy.5, AAVCy.5R1, AAVCy.5R2, AAVCy.5R3, AAVCy.5R4, AAVcy.6, AAVhu.1, AAVhu.2, AAVhu.3, AAVhu.4, AAVhu.5, AAVhu.6, AAVhu.7, AAVhu.9, AAVhu.10, AAVhu.11, AAVhu.13, AAVhu.15, AAVhu.16, AAVhu.17, AAVhu.18, AAVhu.20, AAVhu.21, AAVhu.22, AAVhu.23.2, AAVhu.24, AAVhu.25, AAVhu.27, AAVhu.28, AAVhu.29, AAVhu.29R, AAVhu.31, AAVhu.32, AAVhu.34, AAVhu.35, AAVhu.37, AAVhu.39, AAVhu.40, AAVhu.41, AAVhu.42, AAVhu.43, AAVhu.44, AAVhu.44R1, AAVhu.44R2, AAVhu.44R3, AAVhu.45, AAVhu.46, AAVhu.47, AAVhu.48, AAVhu.48R1, AAVhu.48R2, AAVhu.48R3, AAVhu.49, AAVhu.51, AAVhu.52, AAVhu.54, AAVhu.55, AAVhu.56, AAVhu.57, AAVhu.58, AAVhu.60, AAVhu.61, AAVhu.63, AAVhu.64, AAVhu.66, AAVhu.67, AAVhu.14/9, AAVhu.t 19, AAVrh.2, AAVrh.2R, AAVrh.8, AAVrh.8R, AAVrh.10, AAVrh.12, AAVrh.13, AAVrh.13R, AAVrh.14, AAVrh.17, AAVrh.18, AAVrh.19, AAVrh.20, AAVrh.21, AAVrh.22, AAVrh.23, AAVrh.24, AAVrh.25, AAVrh.31, AAVrh.32, AAVrh.33, AAVrh.34, AAVrh.35, AAVrh.36, AAVrh.37, AAVrh.37R2, AAVrh.38, AAVrh.39, AAVrh.40, AAVrh.46, AAVrh.48, AAVrh.48.1, AAVrh.48.1.2, AAVrh.48.2, AAVrh.49, AAVrh.51, AAVrh.52, AAVrh.53, AAVrh.54, AAVrh.56, AAVrh.57, AAVrh.58, AAVrh.61, AAVrh.64, AAVrh.64R1, AAVrh.64R2, AAVrh.67, AAVrh.73, AAVrh.74, AAVrh8R, AAVrh8R A586R 돌연변이체, AAVrh8R R533A 돌연변이체, AAAV, BAAV, 염소 AAV, 소 AAV, AAVhE1.1, AAVhEr1.5, AAVhER1.14, AAVhEr1.8, AAVhEr1.16, AAVhEr1.18, AAVhEr1.35, AAVhEr1.7, AAVhEr1.36, AAVhEr2.29, AAVhEr2.4, AAVhEr2.16, AAVhEr2.30, AAVhEr2.31, AAVhEr2.36, AAVhER1.23, AAVhEr3.1, AAV2.5T , AAV-PAEC, AAV-LK01, AAV-LK02, AAV-LK03, AAV-LK04, AAV-LK05, AAV-LK06, AAV-LK07, AAV-LK08, AAV-LK09, AAV-LK10, AAV-LK11, AAV-LK12, AAV-LK13, AAV-LK14, AAV-LK15, AAV-LK16, AAV-LK17, AAV-LK18, AAV-LK19, AAV-PAEC2, AAV-PAEC4, AAV-PAEC6, AAV-PAEC7, AAV-PAEC8, AAV-PAEC11, AAV-PAEC12, AAV-2-pre-miRNA-101 , AAV-8h, AAV-8b, AAV-h, AAV-b, AAV SM 10-2 , AAV 셔플 100-1, AAV 셔플 100-3, AAV 셔플 100-7, AAV 셔플 10-2, AAV 셔플 10-6, AAV 셔플 10-8, AAV 셔플 100-2, AAV SM 10-1, AAV SM 10-8 , AAV SM 100-3, AAV SM 100-10, BNP61 AAV, BNP62 AAV, BNP63 AAV, AAVrh.50, AAVrh.43, AAVrh.62, AAVrh.48, AAVhu.19, AAVhu.11, AAVhu.53, AAV4-8/rh.64, AAVLG-9/hu.39, AAV54.5/hu.23, AAV54.2/hu.22, AAV54.7/hu.24, AAV54.1/hu.21, AAV54.4R/hu.27, AAV46.2/hu.28, AAV46.6/hu.29, AAV128.1/hu.43, 진정한 유형(true type) AAV (ttAAV), UPENN AAV 10, 일본 AAV 10 혈청형, AAV CBr-7.1, AAV CBr-7.10, AAV CBr-7.2, AAV CBr-7.3, AAV CBr-7.4, AAV CBr-7.5, AAV CBr-7.7, AAV CBr-7.8, AAV CBr-B7.3, AAV CBr-B7.4, AAV CBr-E1, AAV CBr-E2, AAV CBr-E3, AAV CBr-E4, AAV CBr-E5, AAV CBr-e5, AAV CBr-E6, AAV CBr-E7, AAV CBr-E8, AAV CHt-1, AAV CHt-2, AAV CHt-3, AAV CHt-6.1, AAV CHt-6.10, AAV CHt-6.5, AAV CHt-6.6, AAV CHt-6.7, AAV CHt-6.8, AAV CHt-P1, AAV CHt-P2, AAV CHt-P5, AAV CHt-P6, AAV CHt-P8, AAV CHt-P9, AAV CKd-1, AAV CKd-10, AAV CKd-2, AAV CKd-3, AAV CKd-4, AAV CKd-6, AAV CKd-7, AAV CKd-8, AAV CKd-B1, AAV CKd-B2, AAV CKd-B3, AAV CKd-B4, AAV CKd-B5, AAV CKd-B6, AAV CKd-B7, AAV CKd-B8, AAV CKd-H1, AAV CKd-H2, AAV CKd-H3, AAV CKd-H4, AAV CKd-H5, AAV CKd-H6, AAV CKd-N3, AAV CKd-N4, AAV CKd-N9, AAV CLg-F1, AAV CLg-F2, AAV CLg-F3, AAV CLg-F4, AAV CLg-F5, AAV CLg-F6, AAV CLg-F7, AAV CLg-F8, AAV CLv-1, AAV CLv1-1, AAV Clv1-10, AAV CLv1-2, AAV CLv-12, AAV CLv1-3, AAV CLv-13, AAV CLv1-4, AAV Clv1-7, AAV Clv1-8, AAV Clv1-9, AAV CLv-2, AAV CLv-3, AAV CLv-4, AAV CLv-6, AAV CLv-8, AAV CLv-D1, AAV CLv-D2, AAV CLv-D3, AAV CLv-D4, AAV CLv-D5, AAV CLv-D6, AAV CLv-D7, AAV CLv-D8, AAV CLv-E1, AAV CLv-K1, AAV CLv-K3, AAV CLv-K6, AAV CLv-L4, AAV CLv-L5, AAV CLv-L6, AAV CLv-M1, AAV CLv-M11, AAV CLv-M2, AAV CLv-M5, AAV CLv-M6, AAV CLv-M7, AAV CLv-M8, AAV CLv-M9, AAV CLv-R1, AAV CLv-R2, AAV CLv-R3, AAV CLv-R4, AAV CLv-R5, AAV CLv-R6, AAV CLv-R7, AAV CLv-R8, AAV CLv-R9, AAV CSp-1, AAV CSp-10, AAV CSp-11, AAV CSp-2, AAV CSp-3, AAV CSp-4, AAV CSp-6, AAV CSp-7, AAV CSp-8, AAV CSp-8.10, AAV CSp-8.2, AAV CSp-8.4, AAV CSp-8.5, AAV CSp-8.6, AAV CSp-8.7, AAV CSp-8.8, AAV CSp-8.9, AAV CSp-9, AAV.hu.48R3, AAV.VR-355, AAV3B, AAV4, AAV5, AAVF1/HSC1, AAVF11/HSC11, AAVF12/HSC12, AAVF13/HSC13, AAVF14/HSC14, AAVF15/HSC15, AAVF16/HSC16, AAVF17/HSC17, AAVF2/HSC2, AAVF3/HSC3, AAVF4/HSC4, AAVF5/HSC5, AAVF6/HSC6, AAVF7/HSC7, AAVF8/HSC8, AAVF9/HSC9, AAV-PHP.B(PHP.B), AAV-PHP.A(PHP.A), G2B-26, G2B-13, TH1.1-32 및/또는 TH1.1-35, 및 이들의 변이체. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV1이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV2이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAVrh10이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV9(hu14)이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV-DJ이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV9.47이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV-DJ8이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV-PHP.B이다. 비제한적인 예로서, 재조합 AAV 바이러스의 캡시드는 AAV-PHP.A이다.

[0334] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 공개 공보 제US20030138772호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV1 (서열번호 6 및 64, US20030138772), AAV2 (서열번호 7 및 70, US20030138772), AAV3 (서열번호 8 및 71, US20030138772), AAV4 (서열번호 63, US20030138772), AAV5 (서열번호 114, US20030138772), AAV6 (서열번호 65, US20030138772), AAV7 (서열번호 1-3, US20030138772), AAV8 (서열번호 4 및 95, US20030138772), AAV9 (서열번호 5 및 100, US20030138772), AAV10 (서열번호 117, US20030138772), AAV11 (서열번호 118, US20030138772), AAV12 (서열번호 119, US20030138772), AAVrh10 (서열번호 31의 아미노산 1 내지 738, US20030138772), AAV16.3 (US20030138772 서열번호 10), AAV29.3/bb.1 (US20030138772 서열번호 11), AAV29.4 (US20030138772 서열번호 12), AAV29.5/bb.2 (US20030138772 서열번호 13), AAV1.3 (US20030138772 서열번호 14), AAV13.3 (US20030138772 서열번호 15), AAV24.1 (US20030138772 서열번호 16), AAV27.3 (US20030138772 서열번호 17), AAV7.2 (US20030138772 서열번호 18), AAVC1 (US20030138772 서열번호 19), AAVC3 (US20030138772 서열번호 20), AAVC5 (US20030138772 서열번호 21), AAVF1 (US20030138772 서열번호 22), AAVF3 (US20030138772 서열번호 23), AAVF5 (US20030138772 서열번호 24), AAVH6 (US20030138772 서열번호 25), AAVH2 (US20030138772 서열번호 26), AAV42-8 (US20030138772 서열번호 27), AAV42-15 (US20030138772 서열번호 28), AAV42-5b (US20030138772 서열번호 29), AAV42-1b (US20030138772 서열번호 30), AAV42-13 (US20030138772 서열번호 31), AAV42-3a (US20030138772 서열번호 32), AAV42-4 (US20030138772 서열번호 33), AAV42-5a (US20030138772 서열번호 34), AAV42-10 (US20030138772 서열번호 35), AAV42-3b (US20030138772 서열번호 36), AAV42-11 (US20030138772 서열번호 37), AAV42-6b (US20030138772 서열번호 38), AAV43-1 (US20030138772 서열번호 39), AAV43-5 (US20030138772 서열번호 40), AAV43-12 (US20030138772 서열번호 41), AAV43-20 (US20030138772 서열번호 42), AAV43-21 (US20030138772 서열번호 43), AAV43-23 (US20030138772 서열번호 44), AAV43-25 (US20030138772 서열번호 45), AAV44.1 (US20030138772 서열번호 46), AAV44.5 (US20030138772 서열번호 47), AAV223.1 (US20030138772 서열번호 48), AAV223.2 (US20030138772 서열번호 49), AAV223.4 (US20030138772 서열번호 50), AAV223.5 (US20030138772 서열번호 51), AAV223.6 (US20030138772 서열번호 52), AAV223.7 (US20030138772 서열번호 53), AAVA3.4 (US20030138772 서열번호 54), AAVA3.5 (US20030138772 서열번호 55), AAVA3.7 (US20030138772 서열번호 56), AAVA3.3 (US20030138772 서열번호 57), AAV42.12 (US20030138772 서열번호 58), AAV44.2 (US20030138772 서열번호 59), AAV42-2 (US20030138772 서열번호 9), 또는 이들의 변이체가 있다.

[0335] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 공개 공보 제US20150159173호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV2 (서열번호 7 및 23, US20150159173), rh20 (서열번호 1, US20150159173), rh32/33 (서열번호 2, US20150159173), rh39 (서열번호 3, 20 및 36, US20150159173), rh46 (서열번호 4 및 22, US20150159173), rh73 (서열번호 5, US20150159173), rh74 (서열번호 6, US20150159173), AAV6.1 (서열번호 29, US20150159173), rh.8 (서열번호 41, US20150159173), rh.48.1 (서열번호 44, US20150159173), hu.44 (서열번호 45, US20150159173), hu.29 (서열번호 42, US20150159173), hu.48 (서열번호 38, US20150159173), rh54 (서열번호 49, US20150159173), AAV2 (서열번호 7, US20150159173), cy.5 (서열번호 8 및 24, US20150159173), rh.10 (서열번호 9 및 25, US20150159173), rh.13 (서열번호 10 및 26, US20150159173), AAV1 (서열번호 11 및 27, US20150159173), AAV3 (서열번호 12 및 28, US20150159173), AAV6 (서열번호 13 및 29, US20150159173), AAV7 (서열번호 14 및 30, US20150159173), AAV8 (서열번호 15 및 31, US20150159173), hu.13 (서열번호 16 및 32, US20150159173), hu.26 (서열번호 17 및 33, US20150159173), hu.37 (서열번호 18 및 34, US20150159173), hu.53 (서열번호 19 및 35, US20150159173), rh.43 (서열번호 21 및 37, US20150159173), rh2 (서열번호 39, US20150159173), rh.37 (서열번호 40, US20150159173), rh.64 (서열번호 43, US20150159173), rh.48 (서열번호 44, US20150159173), ch.5 (서열번호 46, US20150159173), rh.67 (서열번호 47, US20150159173), rh.58 (서열번호 48, US20150159173), 또는 이들의 변이체가 있고 이는 Cy5R1, Cy5R2, Cy5R3, Cy5R4, rh.13R, rh.37R2, rh.2R, rh.8R, rh.48.1, rh.48.2, rh.48.1.2, hu.44R1, hu.44R2, hu.44R3, hu.29R, ch.5R1, rh64R1, rh64R2, AAV6.2, AAV6.1, AAV6.12, hu.48R1, hu.48R2, 및 hu.48R3을 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0336] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 특허 제US7198951호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV9 (서열번호 1-3, US 7198951), AAV2 (서열번호 4, US 7198951), AAV1 (서열번호 5, US 7198951), AAV3 (서열번호 6, US 7198951), 및 AAV8 (서열번호 7, Us7198951)이 있다.

[0337] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 문헌[N Pulicherla et al. (Molecular Therapy 19(6):1070-1078 (2011), 본원에서 이의 전문이 참조로 인용된다)]에 의해 기재된 AAV9 서열 내 돌연변이일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV9.9, AAV9.11, AAV9.13, AAV9.16, AAV9.24, AAV9.45, AAV9.47, AAV9.61, AAV9.68, AAV9.84가 있다.

[0338] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 특허 제US6156303호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV3B (서열번호 1 및 10, US 6156303), AAV6 (서열번호 2, 7 및 11, US 6156303), AAV2 (서열번호 3 및 8, US 6156303), AAV3A (서열번호 4 및 9, US 6156303), 또는 이의 유도체가 있다.

[0339] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 공개 공보 제US20140359799호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV8 (서열번호 1, US20140359799), AAVDJ (서열번호 2 및 3, US20140359799), 또는 이들의 변이체가 있다.

[0340] 일부 구현예에서, 혈청형은 AAVDJ (또는 AAV-DJ) 또는 이의 변이체, 예를 들어, AAVDJ8 (또는 AAV-DJ8)일 수 있고, 이는 문헌(참조: Grimm et al. (Journal of Virology 82(12): 5887-5911 (2008), 이의 전문이 본원에 참조로 인용됨)에 기재된 바와 같다. AAVDJ8의 아미노산 서열은 헤파린 결합 도메인(HBD)을 제거하기 위해 2개 이상의 돌연변이를 포함할 수 있다. 비제한적인 예로서, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로서 인용되는 미국 특허 제7,588,772호에서 서열번호 1로서 기재된 AAV-DJ 서열은 2개의 돌연변이를 포함할 수 있다: (1) R587Q (여기서, 아미노산 587에서 아르기닌(R; Arg)은 글루타민(Q; Gln)으로 변화된다) 및 (2) R590T (여기서, 아미노산 590에서 아르기닌(R; Arg)은 트레오닌(T; Thr)으로 변화된다). 또 다른 비제한적인 예로서, 3개의 돌연변이를 포함할 수 있다: (1) K406R (여기서, 아미노산 406에서 라이신(K; Lys)은 아르기닌(R;Arg)으로 변형된다), (2) R587Q (여기서, 아미노산 587에서 아르기닌(R; Arg)은 글루타민(Q;Gln)으로 변형된다) 및 (3) R590T (여기서, 아미노산 590에서 아르기닌(R; Arg)은 트레오닌(T; Thr)으로 변형된다).

[0341] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 국제 공개 공보 WO01998011244에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 염소 AAV4 (서열번호 1-20, WO1998011244).

[0342] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 국제 공개 공보 WO2014144229에 기재되고 이의 전문이 본원에 참조로 인용된 AAV2G9를 생성하기 위해 AAV2 서열에 돌연변이일 수 있거나 이를 가질 수 있다.

[0343] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 국제 공개 공보 WO2005033321에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV3-3 (서열번호 217, WO2005033321), AAV1 (서열번호 219 및 202, WO2005033321), AAV106.1/hu.37 (서열번호 10, WO2005033321), AAV114.3/hu.40 (서열번호 11, WO2005033321), AAV127.2/hu.41 (서열번호 6 및 8, WO2005033321), AAV128.3/hu.44 (서열번호 81, WO2005033321), AAV130.4/hu.48 (서열번호 78, WO2005033321), AAV145.1/hu.53 (서열번호 176 및 177, WO2005033321), AAV145.6/hu.56 (서열번호 168 및 192, WO2005033321), AAV16.12/hu.11 (서열번호 153 및 57, WO2005033321), AAV16.8/hu.10 (서열번호 156 및 56, WO2005033321), AAV161.10/hu.60 (서열번호 170, WO2005033321), AAV161.6/hu.61 (서열번호 174, WO2005033321), AAV1-7/rh.48 (서열번호 32, WO2005033321), AAV1-8/rh.49 (서열번호 103 및 25, WO2005033321), AAV2 (서열번호 211 및 221, WO2005033321), AAV2-15/rh.62 (서열번호 33 및 114, WO2005033321), AAV2-3/rh.61 (서열번호 21, WO2005033321), AAV2-4/rh.50 (서열번호 23 및 108, WO2005033321), AAV2-5/rh.51 (서열번호 104 및 22, WO2005033321), AAV3.1/hu.6 (서열번호 5 및 84, WO2005033321), AAV3.1/hu.9 (서열번호 155 및 58, WO2005033321), AAV3-11/rh.53 (서열번호 186 및 176, WO2005033321), AAV3-3 (서열번호 200, WO2005033321), AAV33.12/hu.17 (서열번호 4, WO2005033321), AAV33.4/hu.15 (서열번호 50, WO2005033321), AAV33.8/hu.16 (서열번호 51, WO2005033321), AAV3-9/rh.52 (서열번호 96 및 18, WO2005033321), AAV4-19/rh.55 (서열번호 117, WO2005033321), AAV4-4 (서열번호 201 및 218, WO2005033321), AAV4-9/rh.54 (서열번호 116, WO2005033321), AAV5 (서열번호 199 및 216, WO2005033321), AAV52.1/hu.20 (서열번호 63, WO2005033321), AAV52/hu.19 (서열번호 133, WO2005033321), AAV5-22/rh.58 (서열번호 27, WO2005033321), AAV5-3/rh.57 (서열번호 105, WO2005033321), AAV5-3/rh.57 (서열번호 26, WO2005033321), AAV58.2/hu.25 (서열번호 49, WO2005033321), AAV6 (서열번호 203 및 220, WO2005033321), AAV7 (서열번호 222 및 213, WO2005033321), AAV7.3/hu.7 (서열번호 55, WO2005033321), AAV8 (서열번호 223 및 214, WO2005033321), AAVH-1/hu.1 (서열번호 46, WO2005033321), AAVH-5/hu.3 (서열번호 44,

WO2005033321), AAVhu.1 (서열번호 144, WO2005033321), AAVhu.10 (서열번호 156, WO2005033321), AAVhu.11 (서열번호 153, WO2005033321), AAVhu.12 (WO2005033321 서열번호 59), AAVhu.13 (서열번호 129, WO2005033321), AAVhu.14/AAV9 (서열번호 123 및 3, WO2005033321), AAVhu.15 (서열번호 147, WO2005033321), AAVhu.16 (서열번호 148, WO2005033321), AAVhu.17 (서열번호 83, WO2005033321), AAVhu.18 (서열번호 149, WO2005033321), AAVhu.19 (서열번호 133, WO2005033321), AAVhu.2 (서열번호 143, WO2005033321), AAVhu.20 (서열번호 134, WO2005033321), AAVhu.21 (서열번호 135, WO2005033321), AAVhu.22 (서열번호 138, WO2005033321), AAVhu.23.2 (서열번호 137, WO2005033321), AAVhu.24 (서열번호 136, WO2005033321), AAVhu.25 (서열번호 146, WO2005033321), AAVhu.27 (서열번호 140, WO2005033321), AAVhu.29 (서열번호 132, WO2005033321), AAVhu.3 (서열번호 145, WO2005033321), AAVhu.31 (서열번호 121, WO2005033321), AAVhu.32 (서열번호 122, WO2005033321), AAVhu.34 (서열번호 125, WO2005033321), AAVhu.35 (서열번호 164, WO2005033321), AAVhu.37 (서열번호 88, WO2005033321), AAVhu.39 (서열번호 102, WO2005033321), AAVhu.4 (서열번호 141, WO2005033321), AAVhu.40 (서열번호 87, WO2005033321), AAVhu.41 (서열번호 91, WO2005033321), AAVhu.42 (서열번호 85, WO2005033321), AAVhu.43 (서열번호 160, WO2005033321), AAVhu.44 (서열번호 144, WO2005033321), AAVhu.45 (서열번호 127, WO2005033321), AAVhu.46 (서열번호 159, WO2005033321), AAVhu.47 (서열번호 128, WO2005033321), AAVhu.48 (서열번호 157, WO2005033321), AAVhu.49 (서열번호 189, WO2005033321), AAVhu.51 (서열번호 190, WO2005033321), AAVhu.52 (서열번호 191, WO2005033321), AAVhu.53 (서열번호 186, WO2005033321), AAVhu.54 (서열번호 188, WO2005033321), AAVhu.55 (서열번호 187, WO2005033321), AAVhu.56 (서열번호 192, WO2005033321), AAVhu.57 (서열번호 193, WO2005033321), AAVhu.58 (서열번호 194, WO2005033321), AAVhu.6 (서열번호 84, WO2005033321), AAVhu.60 (서열번호 184, WO2005033321), AAVhu.61 (서열번호 185, WO2005033321), AAVhu.63 (서열번호 195, WO2005033321), AAVhu.64 (서열번호 196, WO2005033321), AAVhu.66 (서열번호 197, WO2005033321), AAVhu.67 (서열번호 198, WO2005033321), AAVhu.7 (서열번호 150, WO2005033321), AAVhu.8 (WO2005033321 서열번호 12), AAVhu.9 (서열번호 155, WO2005033321), AAVLG-10/rh.40 (서열번호 14, WO2005033321), AAVLG-4/rh.38 (서열번호 86, WO2005033321), AAVLG-4/rh.38 (서열번호 7, WO2005033321), AAVN721-8/rh.43 (서열번호 163, WO2005033321), AAVN721-8/rh.43 (서열번호 43, WO2005033321), AAVpi.1 (WO2005033321 서열번호 28), AAVpi.2 (WO2005033321 서열번호 30), AAVpi.3 (WO2005033321 서열번호 29), AAVrh.38 (서열번호 86, WO2005033321), AAVrh.40 (서열번호 92, WO2005033321), AAVrh.43 (서열번호 163, WO2005033321), AAVrh.44 (WO2005033321 서열번호 34), AAVrh.45 (WO2005033321 서열번호 41), AAVrh.47 (WO2005033321 서열번호 38), AAVrh.48 (서열번호 115, WO2005033321), AAVrh.49 (서열번호 103, WO2005033321), AAVrh.50 (서열번호 108, WO2005033321), AAVrh.51 (서열번호 104, WO2005033321), AAVrh.52 (서열번호 96, WO2005033321), AAVrh.53 (서열번호 97, WO2005033321), AAVrh.55 (WO2005033321 서열번호 37), AAVrh.56 (서열번호 152, WO2005033321), AAVrh.57 (서열번호 105, WO2005033321), AAVrh.58 (서열번호 106, WO2005033321), AAVrh.59 (WO2005033321 서열번호 42), AAVrh.60 (WO2005033321 서열번호 31), AAVrh.61 (서열번호 107, WO2005033321), AAVrh.62 (서열번호 114, WO2005033321), AAVrh.64 (서열번호 99, WO2005033321), AAVrh.65 (WO2005033321 서열번호 35), AAVrh.68 (WO2005033321 서열번호 16), AAVrh.69 (WO2005033321 서열번호 39), AAVrh.70 (WO2005033321 서열번호 20), AAVrh.72 (WO2005033321 서열번호 9), 또는 이들의 변이체이고 이는 AAVcy.2, AAVcy.3, AAVcy.4, AAVcy.5, AAVcy.6, AAVrh.12, AAVrh.17, AAVrh.18, AAVrh.19, AAVrh.21, AAVrh.22, AAVrh.23, AAVrh.24, AAVrh.25, AAVrh.25/42 15, AAVrh.31, AAVrh.32, AAVrh.33, AAVrh.34, AAVrh.35, AAVrh.36, AAVrh.37, AAVrh14를 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 변이체의 비제한적인 예는 WO2005033321의 서열번호 13, 15, 17, 19, 24, 36, 40, 45, 47, 48, 51-54, 60-62, 64-77, 79, 80, 82, 89, 90, 93-95, 98, 100, 101, 109-113, 118-120, 124, 126, 131, 139, 142, 151,154, 158, 161, 162, 165-183, 202, 204-212, 215, 219, 224-236을 포함하고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다.

[0344] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 국제 공개 공보 WO2015168666에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAVrh8R (서열번호 9, WO2015168666), AAVrh8R A586R 돌연변이체 (서열번호 10, WO2015168666), AAVrh8R R533A 돌연변이체 (서열번호 11, WO2015168666), 또는 이들의 변이체이다.

[0345] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 공개 공보 제US9233131호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만, AAVhE1.1 (서열번호 44, US9233131), AAVhEr1.5 (서열번호 45, US9233131), AAVhER1.14 (서열번호 46, US9233131), AAVhEr1.8 (서열번호 47, US9233131), AAVhEr1.16 (서열번호 48, US9233131), AAVhEr1.18 (서열번호 49,

US9233131), AAVhEr1.35 (서열번호 50, US9233131), AAVhEr1.7 (서열번호 51, US9233131), AAVhEr1.36 (서열번호 52, US9233131), AAVhEr2.29 (서열번호 53, US9233131), AAVhEr2.4 (서열번호 54, US9233131), AAVhEr2.16 (서열번호 55, US9233131), AAVhEr2.30 (서열번호 56, US9233131), AAVhEr2.31 (서열번호 58, US9233131), AAVhEr2.36 (서열번호 57, US9233131), AAVhER1.23 (서열번호 53, US9233131), AAVhEr3.1 (서열번호 59, US9233131), AAV2.5T (서열번호 42, US9233131), 또는 이들의 변이체가 있다.

[0346] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 공개 공보 제US20150376607호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV-PAEC (서열번호 1, US20150376607), AAV-LK01 (서열번호 2, US20150376607), AAV-LK02 (서열번호 3, US20150376607), AAV-LK03 (서열번호 4, US20150376607), AAV-LK04 (서열번호 5, US20150376607), AAV-LK05 (서열번호 6, US20150376607), AAV-LK06 (서열번호 7, US20150376607), AAV-LK07 (서열번호 8, US20150376607), AAV-LK08 (서열번호 9, US20150376607), AAV-LK09 (서열번호 10, US20150376607), AAV-LK10 (서열번호 11, US20150376607), AAV-LK11 (서열번호 12, US20150376607), AAV-LK12 (서열번호 13, US20150376607), AAV-LK13 (서열번호 14, US20150376607), AAV-LK14 (서열번호 15, US20150376607), AAV-LK15 (서열번호 16, US20150376607), AAV-LK16 (서열번호 17, US20150376607), AAV-LK17 (서열번호 18, US20150376607), AAV-LK18 (서열번호 19, US20150376607), AAV-LK19 (서열번호 20, US20150376607), AAV-PAEC2 (서열번호 21,US20150376607), AAV-PAEC4 (서열번호 22, US20150376607), AAV-PAEC6 (서열번호 23, US20150376607), AAV-PAEC7 (서열번호 24, US20150376607), AAV-PAEC8 (서열번호 25, US20150376607), AAV-PAEC11 (서열번호 26, US20150376607), AAV-PAEC12 (서열번호 27, US20150376607), 또는 이들의 변이체가 있다.

[0347] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 특허 제US9163261호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV-2-pre-miRNA-101 (서열번호 1 US9163261), 또는 이들의 변이체가 있다.

[0348] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 공개 공보 제US20150376240호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV-8h (서열번호 6, US20150376240), AAV-8b (서열번호 5, US20150376240), AAV-h (서열번호 2, US20150376240), AAV-b (서열번호 1, US20150376240), 또는 이들의 변이체이다.

[0349] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 공개 공보 제US20160017295호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV SM 10-2 (서열번호 22, US20160017295), AAV 셔플 100-1 (서열번호 23, US20160017295), AAV 셔플 100-3 (서열번호 24, US20160017295), AAV 셔플 100-7 (서열번호 25, US20160017295), AAV 셔플 10-2 (서열번호 34, US20160017295), AAV 셔플 10-6 (서열번호 35, US20160017295), AAV 셔플 10-8 (서열번호 36, US20160017295), AAV 셔플 100-2 (서열번호 37, US20160017295), AAV SM 10-1 (서열번호 38, US20160017295), AAV SM 10-8 (서열번호 39, US20160017295), AAV SM 100-3 (서열번호 40, US20160017295), AAV SM 100-10 (서열번호 41, US20160017295), 또는 이들의 변이체이다.

[0350] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 공개 공보 제US20150238550호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 BNP61 AAV (서열번호 1, US20150238550), BNP62 AAV (서열번호 3, US20150238550), BNP63 AAV (서열번호 4, US20150238550), 또는 이들의 변이체이다.

[0351] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 공개 공보 제US20150315612호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAVrh.50 (서열번호 108, US20150315612), AAVrh.43 (서열번호 163, US20150315612), AAVrh.62 (서열번호 114, US20150315612), AAVrh.48 (서열번호 115, US20150315612), AAVhu.19 (서열번호 133, US20150315612), AAVhu.11 (서열번호 153, US20150315612), AAVhu.53 (서열번호 186, US20150315612), AAV4-8/rh.64 (서열번호 15, US20150315612), AAVLG-9/hu.39 (서열번호 24, US20150315612), AAV54.5/hu.23 (서열번호 60, US20150315612), AAV54.2/hu.22 (서열번호 67, US20150315612), AAV54.7/hu.24 (서열번호 66, US20150315612), AAV54.1/hu.21 (서열번호 65, US20150315612), AAV54.4R/hu.27 (서열번호 64, US20150315612), AAV46.2/hu.28 (서열번호 68, US20150315612), AAV46.6/hu.29 (서열번호 69, US20150315612), AAV128.1/hu.43 (서열번호 80, US20150315612), 또는 이들의 변이체이다.

[0352] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 국제 공개 공보 WO2015121501에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질

수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 진정한 유형 AAV (ttAAV) (서열번호 2, WO2015121501), "UPenn AAV10" (서열번호 8, WO2015121501), "일본 AAV10" (서열번호 9, WO2015121501), 또는 이들의 변이체이다.

[0353] 본 발명에 따라, AAV 캡시드 혈청형 선택 또는 사용은 다양한 종으로부터 기원할 수 있다. 하나의 구현예에서, AAV는 조류 AAV (AAAV)일 수 있다. AAAV 혈청형은 미국 특허 제US 9238800호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAAV (서열번호 1, 2, 4, 6, 8, 10, 12, 및 14, US 9,238,800), 또는 이들의 변이체이다.

[0354] 하나의 구현예에서, AAV는 소 AAV (AAAV)일 수 있다. BAAV 혈청형은 미국 특허 제US 9,193,769호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 BAAV (서열번호 1 및 6, US 9193769), 또는 이의 변이체이다. BAAV 혈청형은 미국 특허 제US 7427396호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 BAAV (서열번호 5 및 6, US7427396), 또는 이의 변이체이다.

[0355] 하나의 구현예에서, AAV는 염소 AAV일 수 있다. 염소 AAV 혈청형은 미국 특허 제US7427396호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 염소 AAV (서열번호 3, US7427396), 또는 이의 변이체이다.

[0356] 다른 구현예에서, AAV는 2개 이상의 모 혈청형으로부터 하이브리드 AAV로서 가공될 수 있다. 하나의 구현예에서, AAV는 AAV2 및 AAV9로부터의 서열을 포함하는 AAV2G9일 수 있다. AAV2G9 AAV 혈청형은 미국 특허 공개 공보 US20160017005에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다.

[0357] 하나의 구현예에서, AAV는 문헌(참조: Pulicherla et al. (Molecular Therapy 19(6):1070-1078 (2011), 이의 내용은 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 바와 같이 아미노산 390-627 (VP1 넘버링) 내 돌연변이를 갖는 AAV9 캡시드 라이브러리에 의해 생성된 혈청형일 수 있다. 혈청형 및 상응하는 뉴클레오타이드 및 아미노산 치환은 AAV9.1 (G1594C; D532H), AAV6.2 (T1418A 및 T1436X; V473D and I479K), AAV9.3 (T1238A; F413Y), AAV9.4 (T1250C 및 A1617T; F417S), AAV9.5 (A1235G, A1314T, A1642G, C1760T; Q412R, T548A, A587V), AAV9.6 (T1231A; F411I), AAV9.9 (G1203A, G1785T; W595C), AAV9.10 (A1500G, T1676C; M559T), AAV9.11 (A1425T, A1702C, A1769T; T568P, Q590L), AAV9.13 (A1369C, A1720T; N457H, T574S), AAV9.14 (T1340A, T1362C, T1560C, G1713A; L447H), AAV9.16 (A1775T; Q592L), AAV9.24 (T1507C, T1521G; W503R), AAV9.26 (A1337G, A1769C; Y446C, Q590P), AAV9.33 (A1667C; D556A), AAV9.34 (A1534G, C1794T; N512D), AAV9.35 (A1289T, T1450A, C1494T, A1515T, C1794A, G1816A; Q430L, Y484N, N98K, V606I), AAV9.40 (A1694T, E565V), AAV9.41 (A1348T, T1362C; T450S), AAV9.44 (A1684C, A1701T, A1737G; N562H, K567N), AAV9.45 (A1492T, C1804T; N498Y, L602F), AAV9.46 (G1441C, T1525C, T1549G; G481R, W509R, L517V), 9.47 (G1241A, G1358A, A1669G, C1745T; S414N, G453D, K557E, T582I), AAV9.48 (C1445T, A1736T; P482L, Q579L), AAV9.50 (A1638T, C1683T, T1805A; Q546H, L602H), AAV9.53 (G1301A, A1405C, C1664T, G1811T; R134Q, S469R, A555V, G604V), AAV9.54 (C1531A, T1609A; L511I, L537M), AAV9.55 (T1605A; F535L), AAV9.58 (C1475T, C1579A; T492I, H527N), AAV.59 (T1336C; Y446H), AAV9.61 (A1493T; N498I), AAV9.64 (C1531A, A1617T; L511I), AAV9.65 (C1335T, T1530C, C1568A; A523D), AAV9.68 (C1510A; P504T), AAV9.80 (G1441A,;G481R), AAV9.83 (C1402A, A1500T; P468T, E500D), AAV9.87 (T1464C, T1468C; S490P), AAV9.90 (A1196T; Y399F), AAV9.91 (T1316G, A1583T, C1782G, T1806C; L439R, K528I), AAV9.93 (A1273G, A1421G, A1638C, C1712T, G1732A, A1744T, A1832T; S425G, Q474R, Q546H, P571L, G578R, T582S, D611V), AAV9.94 (A1675T; M559L) 및 AAV9.95 (T1605A; F535L)일 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[0358] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 국제 공개 공보 WO2016049230에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAVF1/HSC1(서열번호 2 및 20, WO2016049230), AAVF2/HSC2 (서열번호 3 및 21, WO2016049230), AAVF3/HSC3 (서열번호 5 및 22, WO2016049230), AAVF4/HSC4 (서열번호 6 및 23, WO2016049230), AAVF5/HSC5 (서열번호 11 및 25, WO2016049230), AAVF6/HSC6 (서열번호 7 및 24, WO2016049230), AAVF7/HSC7 (서열번호 8 및 27, WO2016049230), AAVF8/HSC8 (서열번호 9 및 28, WO2016049230), AAVF9/HSC9 (서열번호 10 및 29, WO2016049230), AAVF11/HSC11 (서열번호 4 및 26, WO2016049230), AAVF12/HSC12 (서열번호 12 및 30, WO2016049230), AAVF13/HSC13 (서열번호 14 및 31, WO2016049230), AAVF14/HSC14 (서열번호 15 및 32,

WO2016049230), AAVF15/HSC15 (서열번호 16 및 33, WO2016049230), AAVF16/HSC16 (서열번호 17 및 34, WO2016049230), AAVF17/HSC17 (서열번호 13 및 35, WO2016049230), 또는 이들의 변이체 또는 유도체가 있다.

[0359] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 미국 특허 제US8734809호에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV CBr-E1 (서열번호 13 및 87, US8734809), AAV CBr-E2 (서열번호 14 및 88, US8734809), AAV CBr-E3 (서열번호 15 및 89, US8734809), AAV CBr-E4 (서열번호 16 및 90, US8734809), AAV CBr-E5 (서열번호 17 및 91, US8734809), AAV CBr-e5 (서열번호 18 및 92, US8734809), AAV CBr-E6 (서열번호 19 및 93, US8734809), AAV CBr-E7 (서열번호 20 및 94, US8734809), AAV CBr-E8 (서열번호 21 및 95, US8734809), AAV CLv-D1 (서열번호 22 및 96, US8734809), AAV CLv-D2 (서열번호 23 및 97, US8734809), AAV CLv-D3 (서열번호 24 및 98, US8734809), AAV CLv-D4 (서열번호 25 및 99, US8734809), AAV CLv-D5 (서열번호 26 및 100, US8734809), AAV CLv-D6 (서열번호 27 및 101, US8734809), AAV CLv-D7 (서열번호 28 및 102, US8734809), AAV CLv-D8 (서열번호 29 및 103, US8734809), AAV CLv-E1 (서열번호 13 및 87, US8734809), AAV CLv-R1 (서열번호 30 및 104, US8734809), AAV CLv-R2 (서열번호 31 및 105, US8734809), AAV CLv-R3 (서열번호 32 및 106, US8734809), AAV CLv-R4 (서열번호 33 및 107, US8734809), AAV CLv-R5 (서열번호 34 및 108, US8734809), AAV CLv-R6 (서열번호 35 및 109, US8734809), AAV CLv-R7 (서열번호 36 및 110, US8734809), AAV CLv-R8 (서열번호 37 및 111, US8734809), AAV CLv-R9 (서열번호 38 및 112, US8734809), AAV CLg-F1 (서열번호 39 및 113, US8734809), AAV CLg-F2 (서열번호 40 및 114, US8734809), AAV CLg-F3 (서열번호 41 및 115, US8734809), AAV CLg-F4 (서열번호 42 및 116, US8734809), AAV CLg-F5 (서열번호 43 및 117, US8734809), AAV CLg-F6 (서열번호 43 및 117, US8734809), AAV CLg-F7 (서열번호 44 및 118, US8734809), AAV CLg-F8 (서열번호 43 및 117, US8734809), AAV CSp-1 (서열번호 45 및 119, US8734809), AAV CSp-10 (서열번호 46 및 120, US8734809), AAV CSp-11 (서열번호 47 및 121, US8734809), AAV CSp-2 (서열번호 48 및 122, US8734809), AAV CSp-3 (서열번호 49 및 123, US8734809), AAV CSp-4 (서열번호 50 및 124, US8734809), AAV CSp-6 (서열번호 51 및 125, US8734809), AAV CSp-7 (서열번호 52 및 126, US8734809), AAV CSp-8 (서열번호 53 및 127, US8734809), AAV CSp-9 (서열번호 54 및 128, US8734809), AAV CHt-2 (서열번호 55 및 129, US8734809), AAV CHt-3 (서열번호 56 및 130, US8734809), AAV CKd-1 (서열번호 57 및 131, US8734809), AAV CKd-10 (서열번호 58 및 132, US8734809), AAV CKd-2 (서열번호 59 및 133, US8734809), AAV CKd-3 (서열번호 60 및 134, US8734809), AAV CKd-4 (서열번호 61 및 135, US8734809), AAV CKd-6 (서열번호 62 및 136, US8734809), AAV CKd-7 (서열번호 63 및 137, US8734809), AAV CKd-8 (서열번호 64 및 138, US8734809), AAV CLv-1 (서열번호 35 및 139, US8734809), AAV CLv-12 (서열번호 66 및 140, US8734809), AAV CLv-13 (서열번호 67 및 141, US8734809), AAV CLv-2 (서열번호 68 및 142, US8734809), AAV CLv-3 (서열번호 69 및 143, US8734809), AAV CLv-4 (서열번호 70 및 144, US8734809), AAV CLv-6 (서열번호 71 및 145, US8734809), AAV CLv-8 (서열번호 72 및 146, US8734809), AAV CKd-B1 (서열번호 73 및 147, US8734809), AAV CKd-B2 (서열번호 74 및 148, US8734809), AAV CKd-B3 (서열번호 75 및 149, US8734809), AAV CKd-B4 (서열번호 76 및 150, US8734809), AAV CKd-B5 (서열번호 77 및 151, US8734809), AAV CKd-B6 (서열번호 78 및 152, US8734809), AAV CKd-B7 (서열번호 79 및 153, US8734809), AAV CKd-B8 (서열번호 80 및 154, US8734809), AAV CKd-H1 (서열번호 81 및 155, US8734809), AAV CKd-H2 (서열번호 82 및 156, US8734809), AAV CKd-H3 (서열번호 83 및 157, US8734809), AAV CKd-H4 (서열번호 84 및 158, US8734809), AAV CKd-H5 (서열번호 85 및 159, US8734809), AAV CKd-H6 (서열번호 77 및 151, US8734809), AAV CHt-1 (서열번호 86 및 160, US8734809), AAV CLv1-1 (서열번호 171, US8734809), AAV CLv1-2 (서열번호 172, US8734809), AAV CLv1-3 (서열번호 173, US8734809), AAV CLv1-4 (서열번호 174, US8734809), AAV Clv1-7 (서열번호 175, US8734809), AAV Clv1-8 (서열번호 176, US8734809), AAV Clv1-9 (서열번호 177, US8734809), AAV Clv1-10 (서열번호 178, US8734809), AAV.VR-355 (서열번호 181, US8734809), AAV.hu.48R3 (서열번호 183, US8734809), 또는 이들의 변이체 또는 유도체가 있다.

[0360] 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 국제 공개 공보 WO2016065001에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV CHt-P2 (서열번호 1 및 51. WO2016065001), AAV CHt-P5 (서열번호 2 및 52. WO2016065001), AAV CHt-P9 (서열번호 3 및 53, WO2016065001), AAV CBr-7.1 (서열번호 4 및 54, WO2016065001), AAV CBr-7.2 (서열번호 5 및 55, WO2016065001), AAV CBr-7.3 (서열번호 6 및 56, WO2016065001), AAV CBr-7.4 (서열번호 7 및 57, WO2016065001), AAV CBr-7.5 (서열번호 8 및 58, WO2016065001), AAV CBr-7.7 (서열번호 9 및 59, WO2016065001), AAV CBr-7.8 (서열번호 10 및 60, WO2016065001), AAV CBr-7.10 (서열번호 11 및 61, WO2016065001), AAV CKd-N3 (서열번호 12 및 62, WO2016065001), AAV CKd-N4 (서열번호 13 및 63,

WO2016065001), AAV CKd-N9 (서열번호 14 및 64, WO2016065001), AAV CLv-L4 (서열번호 15 및 65, WO2016065001), AAV CLv-L5 (서열번호 16 및 66, WO2016065001), AAV CLv-L6 (서열번호 17 및 67, WO2016065001), AAV CLv-K1 (서열번호 18 및 68, WO2016065001), AAV CLv-K3 (서열번호 19 및 69, WO2016065001), AAV CLv-K6 (서열번호 20 및 70, WO2016065001), AAV CLv-M1 (서열번호 21 및 71, WO2016065001), AAV CLv-M11 (서열번호 22 및 72, WO2016065001), AAV CLv-M2 (서열번호 23 및 73, WO2016065001), AAV CLv-M5 (서열번호 24 및 74, WO2016065001), AAV CLv-M6 (서열번호 25 및 75, WO2016065001), AAV CLv-M7 (서열번호 26 및 76, WO2016065001), AAV CLv-M8 (서열번호 27 및 77, WO2016065001), AAV CLv-M9 (서열번호 28 및 78. WO2016065001), AAV CHt-P1 (서열번호 29 및 79. WO2016065001), AAV CHt-P6 (서열번호 30 및 80. WO2016065001), AAV CHt-P8 (서열번호 31 및 81, WO2016065001), AAV CHt-6.1 (서열번호 32 및 82, WO2016065001), AAV CHt-6.10 (서열번호 33 및 83, WO2016065001), AAV CHt-6.5 (서열번호 34 및 84, WO2016065001), AAV CHt-6.6 (서열번호 35 및 85, WO2016065001), AAV CHt-6.7 (서열번호 36 및 86, WO2016065001), AAV CHt-6.8 (서열번호 37 및 87, WO2016065001), AAV CSp-8.10 (서열번호 38 및 88, WO2016065001), AAV CSp-8.2 (서열번호 39 및 89, WO2016065001), AAV CSp-8.4 (서열번호 40 및 90, WO2016065001), AAV CSp-8.5 (서열번호 41 및 91, WO2016065001), AAV CSp-8.6 (서열번호 42 및 92, WO2016065001), AAV CSp-8.7 (서열번호 43 및 93, WO2016065001), AAV CSp-8.8 (서열번호 44 및 94, WO2016065001), AAV CSp-8.9 (서열번호 45 및 95, WO2016065001), AAV CBr-B7.3 (서열번호 46 및 96, WO2016065001), AAV CBr-B7.4 (서열번호 47 및 97, WO2016065001), AAV3B (서열번호 48 및 98, WO2016065001), AAV4 (서열번호 49 및 99, WO2016065001), AAV5 (서열번호 50 및 100, WO2016065001), 또는 이들의 변이체 또는 유도체가 있다.

[0361] 하나의 구현예에서, AAV는 적어도 하나의 AAV 캡시드 CD8+ T-세포 에피토프를 포함하는 혈청형일 수 있다. 비제한적인 예로서, 혈청형은 AAV1, AAV2 또는 AAV8 일 수 있다.

[0362] 하나의 구현예에서, AAV는 표 11에 나타낸 임의의 것들로부터 선택될 수 있다.

[0363] 하나의 구현예에서, AAV는 표 11에 서열, 서열의 단편 또는 이의 변이체를 포함할 수 있다.

[0364] 하나의 구현예에서, AAV는 표 11에 기재된 서열, 단편 또는 변이체에 의해 암호화될 수 있다.

[0365] [표 11]

AAV 혈청형

혈청형	서열 번호	참조 정보
AAV1	369	US20150159173 서열 번호 11, US20150315612 서열 번호 202
AAV1	370	US20160017295 서열 번호 1US20030138772 서열 번호 64, US20150159173 서열 번호 27, US20150315612 서열 번호 219, US7198951 서열 번호 5
AAV1	371	US20030138772 서열 번호 6
AAV1.3	372	US20030138772 서열 번호 14
AAV10	373	US20030138772 서열 번호 117
AAV10	374	WO2015121501 서열 번호 9
AAV10	375	WO2015121501 서열 번호 8
AAV11	376	US20030138772 서열 번호 118
AAV12	377	US20030138772 서열 번호 119
AAV2	378	US20150159173 서열 번호 7, US20150315612 서열 번호 211
AAV2	379	US20030138772 서열 번호 70, US20150159173 서열 번호 23, US20150315612 서열 번호 221, US20160017295 서열 번호 2, US6156303 서열 번호 4, US7198951 서열 번호 4, WO2015121501 서열 번호 1
AAV2	380	US6156303 서열 번호 8
AAV2	381	US20030138772 서열 번호 7
AAV2	382	US6156303 서열 번호 3
AAV2.5T	383	US9233131 서열 번호 42
AAV223.10	384	US20030138772 서열 번호 75
AAV223.2	385	US20030138772 서열 번호 49
AAV223.2	386	US20030138772 서열 번호 76
AAV223.4	387	US20030138772 서열 번호 50
AAV223.4	388	US20030138772 서열 번호 73
AAV223.5	389	US20030138772 서열 번호 51
AAV223.5	390	US20030138772 서열 번호 74
AAV223.6	391	US20030138772 서열 번호 52
AAV223.6	392	US20030138772 서열 번호 78
AAV223.7	393	US20030138772 서열 번호 53
AAV223.7	394	US20030138772 서열 번호 77
AAV29.3	395	US20030138772 서열 번호 82
AAV29.4	396	US20030138772 서열 번호 12
AAV29.5	397	US20030138772 서열 번호 83
AAV29.5 (AAVbb.2)	398	US20030138772 서열 번호 13
AAV3	399	US20150159173 서열 번호 12
AAV3	400	US20030138772 서열 번호 71, US20150159173 서열 번호 28, US20160017295 서열 번호 3, US7198951 서열 번호 6
AAV3	401	US20030138772 서열 번호 8
AAV3.3b	402	US20030138772 서열 번호 72

[0366]

[0367]

AAV3-3	403	US20150315612 서열 번호 200
AAV3-3	404	US20150315612 서열 번호 217
AAV3a	405	US6156303 서열 번호 5
AAV3a	406	US6156303 서열 번호 9
AAV3b	407	US6156303 서열 번호 6
AAV3b	408	US6156303 서열 번호 10
AAV3b	409	US6156303 서열 번호 1
AAV4	410	US20140348794 서열 번호 17
AAV4	411	US20140348794 서열 번호 5
AAV4	412	US20140348794 서열 번호 3
AAV4	413	US20140348794 서열 번호 14
AAV4	414	US20140348794 서열 번호 15
AAV4	415	US20140348794 서열 번호 19
AAV4	416	US20140348794 서열 번호 12
AAV4	417	US20140348794 서열 번호 13
AAV4	418	US20140348794 서열 번호 7
AAV4	419	US20140348794 서열 번호 8
AAV4	420	US20140348794 서열 번호 9
AAV4	421	US20140348794 서열 번호 2
AAV4	422	US20140348794 서열 번호 10
AAV4	423	US20140348794 서열 번호 11
AAV4	424	US20140348794 서열 번호 18
AAV4	425	US20030138772 서열 번호 63, US20160017295 서열 번호 4, US20140348794 서열 번호 4
AAV4	426	US20140348794 서열 번호 16
AAV4	427	US20140348794 서열 번호 20
AAV4	428	US20140348794 서열 번호 6
AAV4	429	US20140348794 서열 번호 1
AAV42.2	430	US20030138772 서열 번호 9
AAV42.2	431	US20030138772 서열 번호 102
AAV42.3b	432	US20030138772 서열 번호 36
AAV42.3B	433	US20030138772 서열 번호 107
AAV42.4	434	US20030138772 서열 번호 33
AAV42.4	435	US20030138772 서열 번호 88
AAV42.8	436	US20030138772 서열 번호 27
AAV42.8	437	US20030138772 서열 번호 85
AAV43.1	438	US20030138772 서열 번호 39
AAV43.1	439	US20030138772 서열 번호 92
AAV43.12	440	US20030138772 서열 번호 41
AAV43.12	441	US20030138772 서열 번호 93
AAV43.20	442	US20030138772 서열 번호 42
AAV43.20	443	US20030138772 서열 번호 99
AAV43.21	444	US20030138772 서열 번호 43
AAV43.21	445	US20030138772 서열 번호 96
AAV43.23	446	US20030138772 서열 번호 44

AAV43.23	447	US20030138772 서열 번호 98
AAV43.25	448	US20030138772 서열 번호 45
AAV43.25	449	US20030138772 서열 번호 97
AAV43.5	450	US20030138772 서열 번호 40
AAV43.5	451	US20030138772 서열 번호 94
AAV4-4	452	US20150315612 서열 번호 201
AAV4-4	453	US20150315612 서열 번호 218
AAV44.1	454	US20030138772 서열 번호 46
AAV44.1	455	US20030138772 서열 번호 79
AAV44.5	456	US20030138772 서열 번호 47
AAV44.5	457	US20030138772 서열 번호 80
AAV4407	458	US20150315612 서열 번호 90
AAV5	459	US7427396 서열 번호 1
AAV5	460	US20030138772 서열 번호 114
AAV5	461	US20160017295 서열 번호 5, US7427396 서열 번호 2, US20150315612 서열 번호 216
AAV5	462	US20150315612 서열 번호 199
AAV6	463	US20150159173 서열 번호 13
AAV6	464	US20030138772 서열 번호 65, US20150159173 서열 번호 29, US20160017295 서열 번호 6, US6156303 서열 번호 7
AAV6	465	US6156303 서열 번호 11
AAV6	466	US6156303 서열 번호 2
AAV6	467	US20150315612 서열 번호 203
AAV6	468	US20150315612 서열 번호 220
AAV6.1	469	US20150159173
AAV6.12	470	US20150159173
AAV6.2	471	US20150159173
AAV7	472	US20150159173 서열 번호 14
AAV7	473	US20150315612 서열 번호 183
AAV7	474	US20030138772 서열 번호 2, US20150159173 서열 번호 30, US20150315612 서열 번호 181, US20160017295 서열 번호 7
AAV7	475	US20030138772 서열 번호 3
AAV7	476	US20030138772 서열 번호 1, US20150315612 서열 번호 180
AAV7	477	US20150315612 서열 번호 213
AAV7	478	US20150315612 서열 번호 222
AAV8	479	US20150159173 서열 번호 15
AAV8	480	US20150376240 서열 번호 7
AAV8	481	US20030138772 서열 번호 4, US20150315612 서열 번호 182
AAV8	482	US20030138772 서열 번호 95, US20140359799 서열 번호 1, US20150159173 서열 번호 31, US20160017295 서열 번호 8, US7198951 서열 번호 7, US20150315612 서열 번호 223
AAV8	483	US20150376240 서열 번호 8
AAV8	484	US20150315612 서열 번호 214
AAV-8b	485	US20150376240 서열 번호 5
AAV-8b	486	US20150376240 서열 번호 3
AAV-8h	487	US20150376240 서열 번호 6

[0368]

[0369]

AAV-8h	488	US20150376240 서열 번호 4
AAV9	489	US20030138772 서열 번호 5
AAV9	490	US7198951 서열 번호 1
AAV9	491	US20160017295 서열 번호 9
AAV9	492	US20030138772 서열 번호 100, US7198951 서열 번호 2
AAV9	493	US7198951 서열 번호 3
AAV9 (AAVhu.14)	494	US7906111 서열 번호 3; WO2015038958 서열 번호 11
AAV9 (AAVhu.14)	495	US7906111 서열 번호 123; WO2015038958 서열 번호 2
AAVA3.1	496	US20030138772 서열 번호 120
AAVA3.3	497	US20030138772 서열 번호 57
AAVA3.3	498	US20030138772 서열 번호 66
AAVA3.4	499	US20030138772 서열 번호 54
AAVA3.4	500	US20030138772 서열 번호 68
AAVA3.5	501	US20030138772 서열 번호 55
AAVA3.5	502	US20030138772 서열 번호 69
AAVA3.7	503	US20030138772 서열 번호 56
AAVA3.7	504	US20030138772 서열 번호 67
AAV29.3 (AAVbb.1)	505	US20030138772 서열 번호 11
AAVC2	506	US20030138772 서열 번호 61
AAVCh.5	507	US20150159173 서열 번호 46, US20150315612 서열 번호 234
AAVcy.2 (AAV13.3)	508	US20030138772 서열 번호 15
AAV24.1	509	US20030138772 서열 번호 101
AAVcy.3 (AAV24.1)	510	US20030138772 서열 번호 16
AAV27.3	511	US20030138772 서열 번호 104
AAVcy.4 (AAV27.3)	512	US20030138772 서열 번호 17
AAVcy.5	513	US20150315612 서열 번호 227
AAV7.2	514	US20030138772 서열 번호 103
AAVcy.5 (AAV7.2)	515	US20030138772 서열 번호 18
AAV16.3	516	US20030138772 서열 번호 105
AAVcy.6 (AAV16.3)	517	US20030138772 서열 번호 10
AAVcy.5	518	US20150159173 서열 번호 8
AAVcy.5	519	US20150159173 서열 번호 24
AAVCy.5R1	520	US20150159173
AAVCy.5R2	521	US20150159173
AAVCy.5R3	522	US20150159173
AAVCy.5R4	523	US20150159173
AAVDJ	524	US20140359799 서열 번호 3, US7588772 서열 번호 2
AAVDJ	525	US20140359799 서열 번호 2, US7588772 서열 번호 1
AAVDJ-8	526	US7588772; Grimm et al 2008
AAVDJ-8	527	US7588772; Grimm et al 2008
AAVF5	528	US20030138772 서열 번호 110
AAVH2	529	US20030138772 서열 번호 26
AAVH6	530	US20030138772 서열 번호 25
AAVhE1.1	531	US9233131 서열 번호 44
AAVhEr1.14	532	US9233131 서열 번호 46

[0370]

AAVhEr1.16	533	US9233131 서열 번호 48
AAVhEr1.18	534	US9233131 서열 번호 49
AAVhEr1.23 (AAVhEr2.29)	535	US9233131 서열 번호 53
AAVhEr1.35	536	US9233131 서열 번호 50
AAVhEr1.36	537	US9233131 서열 번호 52
AAVhEr1.5	538	US9233131 서열 번호 45
AAVhEr1.7	539	US9233131 서열 번호 51
AAVhEr1.8	540	US9233131 서열 번호 47
AAVhEr2.16	541	US9233131 서열 번호 55
AAVhEr2.30	542	US9233131 서열 번호 56
AAVhEr2.31	543	US9233131 서열 번호 58
AAVhEr2.36	544	US9233131 서열 번호 57
AAVhEr2.4	545	US9233131 서열 번호 54
AAVhEr3.1	546	US9233131 서열 번호 59
AAVhu.1	547	US20150315612 서열 번호 46
AAVhu.1	548	US20150315612 서열 번호 144
AAVhu.10 (AAV16.8)	549	US20150315612 서열 번호 56
AAVhu.10 (AAV16.8)	550	US20150315612 서열 번호 156
AAVhu.11 (AAV16.12)	551	US20150315612 서열 번호 57
AAVhu.11 (AAV16.12)	552	US20150315612 서열 번호 153
AAVhu.12	553	US20150315612 서열 번호 59
AAVhu.12	554	US20150315612 서열 번호 154
AAVhu.13	555	US20150159173 서열 번호 16, US20150315612 서열 번호 71
AAVhu.13	556	US20150159173 서열 번호 32, US20150315612 서열 번호 129
AAVhu.136.1	557	US20150315612 서열 번호 165
AAVhu.140.1	558	US20150315612 서열 번호 166
AAVhu.140.2	559	US20150315612 서열 번호 167
AAVhu.145.6	560	US20150315612 서열 번호 178
AAVhu.15	561	US20150315612 서열 번호 147
AAVhu.15 (AAV33.4)	562	US20150315612 서열 번호 50
AAVhu.156.1	563	US20150315612 서열 번호 179
AAVhu.16	564	US20150315612 서열 번호 148
AAVhu.16 (AAV33.8)	565	US20150315612 서열 번호 51
AAVhu.17	566	US20150315612 서열 번호 83
AAVhu.17 (AAV33.12)	567	US20150315612 서열 번호 4
AAVhu.172.1	568	US20150315612 서열 번호 171
AAVhu.172.2	569	US20150315612 서열 번호 172
AAVhu.173.4	570	US20150315612 서열 번호 173
AAVhu.173.8	571	US20150315612 서열 번호 175
AAVhu.18	572	US20150315612 서열 번호 52
AAVhu.18	573	US20150315612 서열 번호 149

AAVhu.19	574	US20150315612 서열 번호 62
AAVhu.19	575	US20150315612 서열 번호 133
AAVhu.2	576	US20150315612 서열 번호 48
AAVhu.2	577	US20150315612 서열 번호 143
AAVhu.20	578	US20150315612 서열 번호 63
AAVhu.20	579	US20150315612 서열 번호 134
AAVhu.21	580	US20150315612 서열 번호 65
AAVhu.21	581	US20150315612 서열 번호 135
AAVhu.22	582	US20150315612 서열 번호 67
AAVhu.22	583	US20150315612 서열 번호 138
AAVhu.23	584	US20150315612 서열 번호 60
AAVhu.23.2	585	US20150315612 서열 번호 137
AAVhu.24	586	US20150315612 서열 번호 66
AAVhu.24	587	US20150315612 서열 번호 136
AAVhu.25	588	US20150315612 서열 번호 49
AAVhu.25	589	US20150315612 서열 번호 146
AAVhu.26	590	US20150159173 서열 번호 17, US20150315612 서열 번호 61
AAVhu.26	591	US20150159173 서열 번호 33, US20150315612 서열 번호 139
AAVhu.27	592	US20150315612 서열 번호 64
AAVhu.27	593	US20150315612 서열 번호 140
AAVhu.28	594	US20150315612 서열 번호 68
AAVhu.28	595	US20150315612 서열 번호 130
AAVhu.29	596	US20150315612 서열 번호 69
AAVhu.29	597	US20150159173 서열 번호 42, US20150315612 서열 번호 132
AAVhu.29	598	US20150315612 서열 번호 225
AAVhu.29R	599	US20150159173
AAVhu.3	600	US20150315612 서열 번호 44
AAVhu.3	601	US20150315612 서열 번호 145
AAVhu.30	602	US20150315612 서열 번호 70
AAVhu.30	603	US20150315612 서열 번호 131
AAVhu.31	604	US20150315612 서열 번호 1
AAVhu.31	605	US20150315612 서열 번호 121
AAVhu.32	606	US20150315612 서열 번호 2
AAVhu.32	607	US20150315612 서열 번호 122
AAVhu.33	608	US20150315612 서열 번호 75
AAVhu.33	609	US20150315612 서열 번호 124
AAVhu.34	610	US20150315612 서열 번호 72
AAVhu.34	611	US20150315612 서열 번호 125
AAVhu.35	612	US20150315612 서열 번호 73
AAVhu.35	613	US20150315612 서열 번호 164
AAVhu.36	614	US20150315612 서열 번호 74
AAVhu.36	615	US20150315612 서열 번호 126
AAVhu.37	616	US20150159173 서열 번호 34, US20150315612 서열 번호 88
AAVhu.37 (AAV106.1)	617	US20150315612 서열 번호 10, US20150159173 서열 번호 18

[0371]

AAVhu.38	618	US20150315612 서열 번호 161
AAVhu.39	619	US20150315612 서열 번호 102
AAVhu.39 (AAVLG-9)	620	US20150315612 서열 번호 24
AAVhu.4	621	US20150315612 서열 번호 47
AAVhu.4	622	US20150315612 서열 번호 141
AAVhu.40	623	US20150315612 서열 번호 87
AAVhu.40 (AAV114.3)	624	US20150315612 서열 번호 11
AAVhu.41	625	US20150315612 서열 번호 91
AAVhu.41 (AAV127.2)	626	US20150315612 서열 번호 6
AAVhu.42	627	US20150315612 서열 번호 85
AAVhu.42 (AAV127.5)	628	US20150315612 서열 번호 8
AAVhu.43	629	US20150315612 서열 번호 160
AAVhu.43	630	US20150315612 서열 번호 236
AAVhu.43 (AAV128.1)	631	US20150315612 서열 번호 80
AAVhu.44	632	US20150159173 서열 번호 45, US20150315612 서열 번호 158
AAVhu.44 (AAV128.3)	633	US20150315612 서열 번호 81
AAVhu.44R1	634	US20150159173
AAVhu.44R2	635	US20150159173
AAVhu.44R3	636	US20150159173
AAVhu.45	637	US20150315612 서열 번호 76
AAVhu.45	638	US20150315612 서열 번호 127
AAVhu.46	639	US20150315612 서열 번호 82
AAVhu.46	640	US20150315612 서열 번호 159
AAVhu.46	641	US20150315612 서열 번호 224
AAVhu.47	642	US20150315612 서열 번호 77
AAVhu.47	643	US20150315612 서열 번호 128
AAVhu.48	644	US20150159173 서열 번호 38
AAVhu.48	645	US20150315612 서열 번호 157
AAVhu.48 (AAV130.4)	646	US20150315612 서열 번호 78
AAVhu.48R1	647	US20150159173
AAVhu.48R2	648	US20150159173
AAVhu.48R3	649	US20150159173
AAVhu.49	650	US20150315612 서열 번호 209
AAVhu.49	651	US20150315612 서열 번호 189
AAVhu.5	652	US20150315612 서열 번호 45
AAVhu.5	653	US20150315612 서열 번호 142
AAVhu.51	654	US20150315612 서열 번호 208
AAVhu.51	655	US20150315612 서열 번호 190
AAVhu.52	656	US20150315612 서열 번호 210
AAVhu.52	657	US20150315612 서열 번호 191
AAVhu.53	658	US20150159173 서열 번호 19

[0372]

AAVhu.53	659	US20150159173 서열 번호 35
AAVhu.53 (AAV145.1)	660	US20150315612 서열 번호 176
AAVhu.54	661	US20150315612 서열 번호 188
AAVhu.54 (AAV145.5)	662	US20150315612 서열 번호 177
AAVhu.55	663	US20150315612 서열 번호 187
AAVhu.56	664	US20150315612 서열 번호 205
AAVhu.56 (AAV145.6)	665	US20150315612 서열 번호 168
AAVhu.56 (AAV145.6)	666	US20150315612 서열 번호 192
AAVhu.57	667	US20150315612 서열 번호 206
AAVhu.57	668	US20150315612 서열 번호 169
AAVhu.57	669	US20150315612 서열 번호 193
AAVhu.58	670	US20150315612 서열 번호 207
AAVhu.58	671	US20150315612 서열 번호 194
AAVhu.6 (AAV3.1)	672	US20150315612 서열 번호 5
AAVhu.6 (AAV3.1)	673	US20150315612 서열 번호 84
AAVhu.60	674	US20150315612 서열 번호 184
AAVhu.60 (AAV161.10)	675	US20150315612 서열 번호 170
AAVhu.61	676	US20150315612 서열 번호 185
AAVhu.61 (AAV161.6)	677	US20150315612 서열 번호 174
AAVhu.63	678	US20150315612 서열 번호 204
AAVhu.63	679	US20150315612 서열 번호 195
AAVhu.64	680	US20150315612 서열 번호 212
AAVhu.64	681	US20150315612 서열 번호 196
AAVhu.66	682	US20150315612 서열 번호 197
AAVhu.67	683	US20150315612 서열 번호 215
AAVhu.67	684	US20150315612 서열 번호 198
AAVhu.7	685	US20150315612 서열 번호 226
AAVhu.7	686	US20150315612 서열 번호 150
AAVhu.7 (AAV7.3)	687	US20150315612 서열 번호 55
AAVhu.71	688	US20150315612 서열 번호 79
AAVhu.8	689	US20150315612 서열 번호 53
AAVhu.8	690	US20150315612 서열 번호 12
AAVhu.8	691	US20150315612 서열 번호 151
AAVhu.9 (AAV3.1)	692	US20150315612 서열 번호 58
AAVhu.9 (AAV3.1)	693	US20150315612 서열 번호 155
AAV-LK01	694	US20150376607 서열 번호 2
AAV-LK01	695	US20150376607 서열 번호 29
AAV-LK02	696	US20150376607 서열 번호 3
AAV-LK02	697	US20150376607 서열 번호 30
AAV-LK03	698	US20150376607 서열 번호 4
AAV-LK03	699	WO2015121501 서열 번호 12, US20150376607 서열 번호 31
AAV-LK04	700	US20150376607 서열 번호 5

[0373]

AAV-LK04	701	US20150376607 서열 번호 32
AAV-LK05	702	US20150376607 서열 번호 6
AAV-LK05	703	US20150376607 서열 번호 33
AAV-LK06	704	US20150376607 서열 번호 7
AAV-LK06	705	US20150376607 서열 번호 34
AAV-LK07	706	US20150376607 서열 번호 8
AAV-LK07	707	US20150376607 서열 번호 35
AAV-LK08	708	US20150376607 서열 번호 9
AAV-LK08	709	US20150376607 서열 번호 36
AAV-LK09	710	US20150376607 서열 번호 10
AAV-LK09	711	US20150376607 서열 번호 37
AAV-LK10	712	US20150376607 서열 번호 11
AAV-LK10	713	US20150376607 서열 번호 38
AAV-LK11	714	US20150376607 서열 번호 12
AAV-LK11	715	US20150376607 서열 번호 39
AAV-LK12	716	US20150376607 서열 번호 13
AAV-LK12	717	US20150376607 서열 번호 40
AAV-LK13	718	US20150376607 서열 번호 14
AAV-LK13	719	US20150376607 서열 번호 41
AAV-LK14	720	US20150376607 서열 번호 15
AAV-LK14	721	US20150376607 서열 번호 42
AAV-LK15	722	US20150376607 서열 번호 16
AAV-LK15	723	US20150376607 서열 번호 43
AAV-LK16	724	US20150376607 서열 번호 17
AAV-LK16	725	US20150376607 서열 번호 44
AAV-LK17	726	US20150376607 서열 번호 18
AAV-LK17	727	US20150376607 서열 번호 45
AAV-LK18	728	US20150376607 서열 번호 19
AAV-LK18	729	US20150376607 서열 번호 46
AAV-LK19	730	US20150376607 서열 번호 20
AAV-LK19	731	US20150376607 서열 번호 47
AAV-PAEC	732	US20150376607 서열 번호 1
AAV-PAEC	733	US20150376607 서열 번호 48
AAV-PAEC11	734	US20150376607 서열 번호 26
AAV-PAEC11	735	US20150376607 서열 번호 54
AAV-PAEC12	736	US20150376607 서열 번호 27
AAV-PAEC12	737	US20150376607 서열 번호 51
AAV-PAEC13	738	US20150376607 서열 번호 28
AAV-PAEC13	739	US20150376607 서열 번호 49
AAV-PAEC2	740	US20150376607 서열 번호 21
AAV-PAEC2	741	US20150376607 서열 번호 56
AAV-PAEC4	742	US20150376607 서열 번호 22
AAV-PAEC4	743	US20150376607 서열 번호 55
AAV-PAEC6	744	US20150376607 서열 번호 23
AAV-PAEC6	745	US20150376607 서열 번호 52

[0374]

AAV-PAEC7	746	US20150376607 서열 번호 24
AAV-PAEC7	747	US20150376607 서열 번호 53
AAV-PAEC8	748	US20150376607 서열 번호 25
AAV-PAEC8	749	US20150376607 서열 번호 50
AAVpi.1	750	US20150315612 서열 번호 28
AAVpi.1	751	US20150315612 서열 번호 93
AAVpi.2	752	US20150315612 서열 번호 30
AAVpi.2	753	US20150315612 서열 번호 95
AAVpi.3	754	US20150315612 서열 번호 29
AAVpi.3	755	US20150315612 서열 번호 94
AAVrh.10	756	US20150159173 서열 번호 9
AAVrh.10	757	US20150159173 서열 번호 25
AAV44.2	758	US20030138772 서열 번호 59
AAVrh.10 (AAV44.2)	759	US20030138772 서열 번호 81
AAV42.1B	760	US20030138772 서열 번호 90
AAVrh.12 (AAV42.1b)	761	US20030138772 서열 번호 30
AAVrh.13	762	US20150159173 서열 번호 10
AAVrh.13	763	US20150159173 서열 번호 26
AAVrh.13	764	US20150315612 서열 번호 228
AAVrh.13R	765	US20150159173
AAV42.3A	766	US20030138772 서열 번호 87
AAVrh.14 (AAV42.3a)	767	US20030138772 서열 번호 32
AAV42.5A	768	US20030138772 서열 번호 89
AAVrh.17 (AAV42.5a)	769	US20030138772 서열 번호 34
AAV42.5B	770	US20030138772 서열 번호 91
AAVrh.18 (AAV42.5b)	771	US20030138772 서열 번호 29
AAV42.6B	772	US20030138772 서열 번호 112
AAVrh.19 (AAV42.6b)	773	US20030138772 서열 번호 38
AAVrh.2	774	US20150159173 서열 번호 39
AAVrh.2	775	US20150315612 서열 번호 231
AAVrh.20	776	US20150159173 서열 번호 1
AAV42.10	777	US20030138772 서열 번호 106
AAVrh.21 (AAV42.10)	778	US20030138772 서열 번호 35
AAV42.11	779	US20030138772 서열 번호 108
AAVrh.22 (AAV42.11)	780	US20030138772 서열 번호 37
AAV42.12	781	US20030138772 서열 번호 113
AAVrh.23 (AAV42.12)	782	US20030138772 서열 번호 58
AAV42.13	783	US20030138772 서열 번호 86
AAVrh.24 (AAV42.13)	784	US20030138772 서열 번호 31
AAV42.15	785	US20030138772 서열 번호 84

AAVrh.25 (AAV42.15)	786	US20030138772 서열 번호 28
AAVrh.2R	787	US20150159173
AAVrh.31 (AAV223.1)	788	US20030138772 서열 번호 48
AAVC1	789	US20030138772 서열 번호 60
AAVrh.32 (AAVC1)	790	US20030138772 서열 번호 19
AAVrh.32/33	791	US20150159173 서열 번호 2
AAVrh.33 (AAVC3)	792	US20030138772 서열 번호 20
AAVC5	793	US20030138772 서열 번호 62
AAVrh.34 (AAVC5)	794	US20030138772 서열 번호 21
AAVF1	795	US20030138772 서열 번호 109
AAVrh.35 (AAVF1)	796	US20030138772 서열 번호 22
AAVF3	797	US20030138772 서열 번호 111
AAVrh.36 (AAVF3)	798	US20030138772 서열 번호 23
AAVrh.37	799	US20030138772 서열 번호 24
AAVrh.37	800	US20150159173 서열 번호 40
AAVrh.37	801	US20150315612 서열 번호 229
AAVrh.37R2	802	US20150159173
AAVrh.38 (AAVLG-4)	803	US20150315612 서열 번호 7
AAVrh.38 (AAVLG-4)	804	US20150315612 서열 번호 86
AAVrh.39	805	US20150159173 서열 번호 20, US20150315612 서열 번호 13
AAVrh.39	806	US20150159173 서열 번호 3, US20150159173 서열 번호 36, US20150315612 서열 번호 89
AAVrh.40	807	US20150315612 서열 번호 92
AAVrh.40 (AAVLG-10)	808	US20150315612 서열 번호 14
AAVrh.43 (AAVN721-8)	809	US20150315612 서열 번호 43, US20150159173 서열 번호 21
AAVrh.43 (AAVN721-8)	810	US20150315612 서열 번호 163, US20150159173 서열 번호 37
AAVrh.44	811	US20150315612 서열 번호 34
AAVrh.44	812	US20150315612 서열 번호 111
AAVrh.45	813	US20150315612 서열 번호 41
AAVrh.45	814	US20150315612 서열 번호 109
AAVrh.46	815	US20150159173 서열 번호 22, US20150315612 서열 번호 19
AAVrh.46	816	US20150159173 서열 번호 4, US20150315612 서열 번호 101
AAVrh.47	817	US20150315612 서열 번호 38
AAVrh.47	818	US20150315612 서열 번호 118
AAVrh.48	819	US20150159173 서열 번호 44, US20150315612 서열 번호 115
AAVrh.48.1	820	US20150159173
AAVrh.48.1.2	821	US20150159173
AAVrh.48.2	822	US20150159173
AAVrh.48 (AAV1-7)	823	US20150315612 서열 번호 32
AAVrh.49 (AAV1-8)	824	US20150315612 서열 번호 25
AAVrh.49 (AAV1-8)	825	US20150315612 서열 번호 103

AAVrh.50 (AAV2-4)	826	US20150315612 서열 번호 23
AAVrh.50 (AAV2-4)	827	US20150315612 서열 번호 108
AAVrh.51 (AAV2-5)	828	US20150315612 서열 번호 22
AAVrh.51 (AAV2-5)	829	US20150315612 서열 번호 104
AAVrh.52 (AAV3-9)	830	US20150315612 서열 번호 18
AAVrh.52 (AAV3-9)	831	US20150315612 서열 번호 96
AAVrh.53	832	US20150315612 서열 번호 97
AAVrh.53 (AAV3-11)	833	US20150315612 서열 번호 17
AAVrh.53 (AAV3-11)	834	US20150315612 서열 번호 186
AAVrh.54	835	US20150315612 서열 번호 40
AAVrh.54	836	US20150159173 서열 번호 49, US20150315612 서열 번호 116
AAVrh.55	837	US20150315612 서열 번호 37
AAVrh.55 (AAV4-19)	838	US20150315612 서열 번호 117
AAVrh.56	839	US20150315612 서열 번호 54
AAVrh.56	840	US20150315612 서열 번호 152
AAVrh.57	841	US20150315612 서열 번호 26
AAVrh.57	842	US20150315612 서열 번호 105
AAVrh.58	843	US20150315612 서열 번호 27
AAVrh.58	844	US20150159173 서열 번호 48, US20150315612 서열 번호 106
AAVrh.58	845	US20150315612 서열 번호 232
AAVrh.59	846	US20150315612 서열 번호 42
AAVrh.59	847	US20150315612 서열 번호 110
AAVrh.60	848	US20150315612 서열 번호 31
AAVrh.60	849	US20150315612 서열 번호 120
AAVrh.61	850	US20150315612 서열 번호 107
AAVrh.61 (AAV2-3)	851	US20150315612 서열 번호 21
AAVrh.62 (AAV2-15)	852	US20150315612 서열 번호 33
AAVrh.62 (AAV2-15)	853	US20150315612 서열 번호 114
AAVrh.64	854	US20150315612 서열 번호 15
AAVrh.64	855	US20150159173 서열 번호 43, US20150315612 서열 번호 99
AAVrh.64	856	US20150315612 서열 번호 233
AAVRh.64R1	857	US20150159173
AAVRh.64R2	858	US20150159173
AAVrh.65	859	US20150315612 서열 번호 35
AAVrh.65	860	US20150315612 서열 번호 112
AAVrh.67	861	US20150315612 서열 번호 36
AAVrh.67	862	US20150315612 서열 번호 230
AAVrh.67	863	US20150159173 서열 번호 47, US20150315612 서열 번호 113
AAVrh.68	864	US20150315612 서열 번호 16
AAVrh.68	865	US20150315612 서열 번호 100
AAVrh.69	866	US20150315612 서열 번호 39
AAVrh.69	867	US20150315612 서열 번호 119
AAVrh.70	868	US20150315612 서열 번호 20
AAVrh.70	869	US20150315612 서열 번호 98
AAVrh.71	870	US20150315612 서열 번호 162

[0375]

AAVrh.72	871	US20150315612 서열 번호 9
AAVrh.73	872	US20150159173 서열 번호 5
AAVrh.74	873	US20150159173 서열 번호 6
AAVrh.8	874	US20150159173 서열 번호 41
AAVrh.8	875	US20150315612 서열 번호 235
AAVrh.8R	876	US20150159173, WO2015168666 서열 번호 9
AAVrh.8R A586R 돌연변이체	877	WO2015168666 서열 번호 10
AAVrh.8R R533A 돌연변이체	878	WO2015168666 서열 번호 11
BAAV (소 AAV)	879	US9193769 서열 번호 8
BAAV (소 AAV)	880	US9193769 서열 번호 10
BAAV (소 AAV)	881	US9193769 서열 번호 4
BAAV (소 AAV)	882	US9193769 서열 번호 2
BAAV (소 AAV)	883	US9193769 서열 번호 6
BAAV (소 AAV)	884	US9193769 서열 번호 1
BAAV (소 AAV)	885	US9193769 서열 번호 5
BAAV (소 AAV)	886	US9193769 서열 번호 3
BAAV (소 AAV)	887	US9193769 서열 번호 11
BAAV (소 AAV)	888	US7427396 서열 번호 5
BAAV (소 AAV)	889	US7427396 서열 번호 6
BAAV (소 AAV)	890	US9193769 서열 번호 7
BAAV (소 AAV)	891	US9193769 서열 번호 9
BNP61 AAV	892	US20150238550 서열 번호 1
BNP61 AAV	893	US20150238550 서열 번호 2
BNP62 AAV	894	US20150238550 서열 번호 3
BNP63 AAV	895	US20150238550 서열 번호 4
염소 AAV	896	US7427396 서열 번호 3
염소 AAV	897	US7427396 서열 번호 4
진정한 유형 AAV (ttAAV)	898	WO2015121501 서열 번호 2
AAAV (조류 AAV)	899	US9238800 서열 번호 12
AAAV (조류 AAV)	900	US9238800 서열 번호 2
AAAV (조류 AAV)	901	US9238800 서열 번호 6
AAAV (조류 AAV)	902	US9238800 서열 번호 4
AAAV (조류 AAV)	903	US9238800 서열 번호 8
AAAV (조류 AAV)	904	US9238800 서열 번호 14
AAAV (조류 AAV)	905	US9238800 서열 번호 10
AAAV (조류 AAV)	906	US9238800 서열 번호 15
AAAV (조류 AAV)	907	US9238800 서열 번호 5
AAAV (조류 AAV)	908	US9238800 서열 번호 9
AAAV (조류 AAV)	909	US9238800 서열 번호 3
AAAV (조류 AAV)	910	US9238800 서열 번호 7
AAAV (조류 AAV)	911	US9238800 서열 번호 11
AAAV (조류 AAV)	912	US9238800 서열 번호 13
AAAV (조류 AAV)	913	US9238800 서열 번호 1
AAV 셔플 100-1	914	US20160017295 서열 번호 23

AAV 셔플 100-1	915	US20160017295 서열 번호 11
AAV 셔플 100-2	916	US20160017295 서열 번호 37
AAV 셔플 100-2	917	US20160017295 서열 번호 29
AAV 셔플 100-3	918	US20160017295 서열 번호 24
AAV 셔플 100-3	919	US20160017295 서열 번호 12
AAV 셔플 100-7	920	US20160017295 서열 번호 25
AAV 셔플 100-7	921	US20160017295 서열 번호 13
AAV 셔플 10-2	922	US20160017295 서열 번호 34
AAV 셔플 10-2	923	US20160017295 서열 번호 26
AAV 셔플 10-6	924	US20160017295 서열 번호 35
AAV 셔플 10-6	925	US20160017295 서열 번호 27
AAV 셔플 10-8	926	US20160017295 서열 번호 36
AAV 셔플 10-8	927	US20160017295 서열 번호 28
AAV SM 100-10	928	US20160017295 서열 번호 41
AAV SM 100-10	929	US20160017295 서열 번호 33
AAV SM 100-3	930	US20160017295 서열 번호 40
AAV SM 100-3	931	US20160017295 서열 번호 32
AAV SM 10-1	932	US20160017295 서열 번호 38
AAV SM 10-1	933	US20160017295 서열 번호 30
AAV SM 10-2	934	US20160017295 서열 번호 10
AAV SM 10-2	935	US20160017295 서열 번호 22
AAV SM 10-8	936	US20160017295 서열 번호 39
AAV SM 10-8	937	US20160017295 서열 번호 31
AAV SM 100-10	928	US20160017295 서열 번호 41
AAV SM 100-10	929	US20160017295 서열 번호 33
AAV SM 100-3	930	US20160017295 서열 번호 40
AAV SM 100-3	931	US20160017295 서열 번호 32
AAV SM 10-1	932	US20160017295 서열 번호 38
AAV SM 10-1	933	US20160017295 서열 번호 30
AAV SM 10-2	934	US20160017295 서열 번호 10
AAV SM 10-2	935	US20160017295 서열 번호 22
AAV SM 10-8	936	US20160017295 서열 번호 39
AAV SM 10-8	937	US20160017295 서열 번호 31
AAVF1/HSC1	938	WO2016049230 서열 번호 20
AAVF2/HSC2	939	WO2016049230 서열 번호 21
AAVF3/HSC3	940	WO2016049230 서열 번호 22
AAVF4/HSC4	941	WO2016049230 서열 번호 23
AAVF5/HSC5	942	WO2016049230 서열 번호 25
AAVF6/HSC6	943	WO2016049230 서열 번호 24
AAVF7/HSC7	944	WO2016049230 서열 번호 27
AAVF8/HSC8	945	WO2016049230 서열 번호 28
AAVF9/HSC9	946	WO2016049230 서열 번호 29
AAVF11/HSC11	947	WO2016049230 서열 번호 26
AAVF12/HSC12	948	WO2016049230 서열 번호 30
AAVF13/HSC13	949	WO2016049230 서열 번호 31

[0376]

AAVF14/HSC14	950	WO2016049230 서열 번호 32
AAVF15/HSC15	951	WO2016049230 서열 번호 33
AAVF16/HSC16	952	WO2016049230 서열 번호 34
AAVF17/HSC17	953	WO2016049230 서열 번호 35
AAVF1/HSC1	954	WO2016049230 서열 번호 2
AAVF2/HSC2	955	WO2016049230 서열 번호 3
AAVF3/HSC3	956	WO2016049230 서열 번호 5
AAVF4/HSC4	957	WO2016049230 서열 번호 6
AAVF5/HSC5	958	WO2016049230 서열 번호 11
AAVF6/HSC6	959	WO2016049230 서열 번호 7
AAVF7/HSC7	960	WO2016049230 서열 번호 8
AAVF8/HSC8	961	WO2016049230 서열 번호 9
AAVF9/HSC9	962	WO2016049230 서열 번호 10
AAVF11/HSC11	963	WO2016049230 서열 번호 4
AAVF12/HSC12	964	WO2016049230 서열 번호 12
AAVF13/HSC13	965	WO2016049230 서열 번호 14
AAVF14/HSC14	966	WO2016049230 서열 번호 15
AAVF15/HSC15	967	WO2016049230 서열 번호 16
AAVF16/HSC16	968	WO2016049230 서열 번호 17
AAVF17/HSC17	969	WO2016049230 서열 번호 13
AAV CBr-E1	970	US8734809 서열 번호 13
AAV CBr-E2	971	US8734809 서열 번호 14
AAV CBr-E3	972	US8734809 서열 번호 15
AAV CBr-E4	973	US8734809 서열 번호 16
AAV CBr-E5	974	US8734809 서열 번호 17
AAV CBr-e5	975	US8734809 서열 번호 18
AAV CBr-E6	976	US8734809 서열 번호 19
AAV CBr-E7	977	US8734809 서열 번호 20
AAV CBr-E8	978	US8734809 서열 번호 21
AAV CLv-D1	979	US8734809 서열 번호 22
AAV CLv-D2	980	US8734809 서열 번호 23
AAV CLv-D3	981	US8734809 서열 번호 24
AAV CLv-D4	982	US8734809 서열 번호 25
AAV CLv-D5	983	US8734809 서열 번호 26
AAV CLv-D6	984	US8734809 서열 번호 27
AAV CLv-D7	985	US8734809 서열 번호 28
AAV CLv-D8	986	US8734809 서열 번호 29
AAV CLv-E1	987	US8734809 서열 번호 13
AAV CLv-R1	988	US8734809 서열 번호 30
AAV CLv-R2	989	US8734809 서열 번호 31
AAV CLv-R3	990	US8734809 서열 번호 32
AAV CLv-R4	991	US8734809 서열 번호 33
AAV CLv-R5	992	US8734809 서열 번호 34
AAV CLv-R6	993	US8734809 서열 번호 35
AAV CLv-R7	994	US8734809 서열 번호 36

[0377]

AAV CLv-R8	995	US8734809 서열 번호 37
AAV CLv-R9	996	US8734809 서열 번호 38
AAV CLg-F1	997	US8734809 서열 번호 39
AAV CLg-F2	998	US8734809 서열 번호 40
AAV CLg-F3	999	US8734809 서열 번호 41
AAV CLg-F4	1000	US8734809 서열 번호 42
AAV CLg-F5	1001	US8734809 서열 번호 43
AAV CLg-F6	1002	US8734809 서열 번호 43
AAV CLg-F7	1003	US8734809 서열 번호 44
AAV CLg-F8	1004	US8734809 서열 번호 43
AAV CSp-1	1005	US8734809 서열 번호 45
AAV CSp-10	1006	US8734809 서열 번호 46
AAV CSp-11	1007	US8734809 서열 번호 47
AAV CSp-2	1008	US8734809 서열 번호 48
AAV CSp-3	1009	US8734809 서열 번호 49
AAV CSp-4	1010	US8734809 서열 번호 50
AAV CSp-6	1011	US8734809 서열 번호 51
AAV CSp-7	1012	US8734809 서열 번호 52
AAV CSp-8	1013	US8734809 서열 번호 53
AAV CSp-9	1014	US8734809 서열 번호 54
AAV CHt-2	1015	US8734809 서열 번호 55
AAV CHt-3	1016	US8734809 서열 번호 56
AAV CKd-1	1017	US8734809 서열 번호 57
AAV CKd-10	1018	US8734809 서열 번호 58
AAV CKd-2	1019	US8734809 서열 번호 59
AAV CKd-3	1020	US8734809 서열 번호 60
AAV CKd-4	1021	US8734809 서열 번호 61
AAV CKd-6	1022	US8734809 서열 번호 62
AAV CKd-7	1023	US8734809 서열 번호 63
AAV CKd-8	1024	US8734809 서열 번호 64
AAV CLv-1	1025	US8734809 서열 번호 65
AAV CLv-12	1026	US8734809 서열 번호 66
AAV CLv-13	1027	US8734809 서열 번호 67
AAV CLv-2	1028	US8734809 서열 번호 68
AAV CLv-3	1029	US8734809 서열 번호 69
AAV CLv-4	1030	US8734809 서열 번호 70
AAV CLv-6	1031	US8734809 서열 번호 71
AAV CLv-8	1032	US8734809 서열 번호 72
AAV CKd-B1	1033	US8734809 서열 번호 73
AAV CKd-B2	1034	US8734809 서열 번호 74
AAV CKd-B3	1035	US8734809 서열 번호 75
AAV CKd-B4	1036	US8734809 서열 번호 76
AAV CKd-B5	1037	US8734809 서열 번호 77
AAV CKd-B6	1038	US8734809 서열 번호 78
AAV CKd-B7	1039	US8734809 서열 번호 79

[0378]

AAV CKd-B8	1040	US8734809 서열 번호 80
AAV CKd-H1	1041	US8734809 서열 번호 81
AAV CKd-H2	1042	US8734809 서열 번호 82
AAV CKd-H3	1043	US8734809 서열 번호 83
AAV CKd-H4	1044	US8734809 서열 번호 84
AAV CKd-H5	1045	US8734809 서열 번호 85
AAV CKd-H6	1046	US8734809 서열 번호 77
AAV CHt-1	1047	US8734809 서열 번호 86
AAV CLv1-1	1048	US8734809 서열 번호 171
AAV CLv1-2	1049	US8734809 서열 번호 172
AAV CLv1-3	1050	US8734809 서열 번호 173
AAV CLv1-4	1051	US8734809 서열 번호 174
AAV Clv1-7	1052	US8734809 서열 번호 175
AAV Clv1-8	1053	US8734809 서열 번호 176
AAV Clv1-9	1054	US8734809 서열 번호 177
AAV Clv1-10	1055	US8734809 서열 번호 178
AAV.VR-355	1056	US8734809 서열 번호 181
AAV.hu.48R3	1057	US8734809 서열 번호 183
AAV CBr-E1	1058	US8734809 서열 번호 87
AAV CBr-E2	1059	US8734809 서열 번호 88
AAV CBr-E3	1060	US8734809 서열 번호 89
AAV CBr-E4	1061	US8734809 서열 번호 90
AAV CBr-E5	1062	US8734809 서열 번호 91
AAV CBr-e5	1063	US8734809 서열 번호 92
AAV CBr-E6	1064	US8734809 서열 번호 93
AAV CBr-E7	1065	US8734809 서열 번호 94
AAV CBr-E8	1066	US8734809 서열 번호 95
AAV CLv-D1	1067	US8734809 서열 번호 96
AAV CLv-D2	1068	US8734809 서열 번호 97
AAV CLv-D3	1069	US8734809 서열 번호 98
AAV CLv-D4	1070	US8734809 서열 번호 99
AAV CLv-D5	1071	US8734809 서열 번호 100
AAV CLv-D6	1072	US8734809 서열 번호 101
AAV CLv-D7	1073	US8734809 서열 번호 102
AAV CLv-D8	1074	US8734809 서열 번호 103
AAV CLv-E1	1075	US8734809 서열 번호 87
AAV CLv-R1	1076	US8734809 서열 번호 104
AAV CLv-R2	1077	US8734809 서열 번호 105
AAV CLv-R3	1078	US8734809 서열 번호 106
AAV CLv-R4	1079	US8734809 서열 번호 107
AAV CLv-R5	1080	US8734809 서열 번호 108
AAV CLv-R6	1081	US8734809 서열 번호 109
AAV CLv-R7	1082	US8734809 서열 번호 110
AAV CLv-R8	1083	US8734809 서열 번호 111
AAV CLv-R9	1084	US8734809 서열 번호 112

[0379]

[0380]

AAV CLg-F1	1085	US8734809 서열 번호 113
AAV CLg-F2	1086	US8734809 서열 번호 114
AAV CLg-F3	1087	US8734809 서열 번호 115
AAV CLg-F4	1088	US8734809 서열 번호 116
AAV CLg-F5	1089	US8734809 서열 번호 117
AAV CLg-F6	1090	US8734809 서열 번호 117
AAV CLg-F7	1091	US8734809 서열 번호 118
AAV CLg-F8	1092	US8734809 서열 번호 117
AAV CSp-1	1093	US8734809 서열 번호 119
AAV CSp-10	1094	US8734809 서열 번호 120
AAV CSp-11	1095	US8734809 서열 번호 121
AAV CSp-2	1096	US8734809 서열 번호 122
AAV CSp-3	1097	US8734809 서열 번호 123
AAV CSp-4	1098	US8734809 서열 번호 124
AAV CSp-6	1099	US8734809 서열 번호 125
AAV CSp-7	1100	US8734809 서열 번호 126
AAV CSp-8	1101	US8734809 서열 번호 127
AAV CSp-9	1102	US8734809 서열 번호 128
AAV CHt-2	1103	US8734809 서열 번호 129
AAV CHt-3	1104	US8734809 서열 번호 130
AAV CKd-1	1105	US8734809 서열 번호 131
AAV CKd-10	1106	US8734809 서열 번호 132
AAV CKd-2	1107	US8734809 서열 번호 133
AAV CKd-3	1108	US8734809 서열 번호 134
AAV CKd-4	1109	US8734809 서열 번호 135
AAV CKd-6	1110	US8734809 서열 번호 136
AAV CKd-7	1111	US8734809 서열 번호 137
AAV CKd-8	1112	US8734809 서열 번호 138
AAV CLv-1	1113	US8734809 서열 번호 139
AAV CLv-12	1114	US8734809 서열 번호 140
AAV CLv-13	1115	US8734809 서열 번호 141
AAV CLv-2	1116	US8734809 서열 번호 142
AAV CLv-3	1117	US8734809 서열 번호 143
AAV CLv-4	1118	US8734809 서열 번호 144
AAV CLv-6	1119	US8734809 서열 번호 145
AAV CLv-8	1120	US8734809 서열 번호 146
AAV CKd-B1	1121	US8734809 서열 번호 147
AAV CKd-B2	1122	US8734809 서열 번호 148
AAV CKd-B3	1123	US8734809 서열 번호 149
AAV CKd-B4	1124	US8734809 서열 번호 150
AAV CKd-B5	1125	US8734809 서열 번호 151
AAV CKd-B6	1126	US8734809 서열 번호 152
AAV CKd-B7	1127	US8734809 서열 번호 153
AAV CKd-B8	1128	US8734809 서열 번호 154
AAV CKd-H1	1129	US8734809 서열 번호 155

[0381]

AAV CKd-H2	1130	US8734809 서열 번호 156
AAV CKd-H3	1131	US8734809 서열 번호 157
AAV CKd-H4	1132	US8734809 서열 번호 158
AAV CKd-H5	1133	US8734809 서열 번호 159
AAV CKd-H6	1134	US8734809 서열 번호 151
AAV CHt-1	1135	US8734809 서열 번호 160
AAV CHt-P2	1136	WO2016065001 서열 번호 1
AAV CHt-P5	1137	WO2016065001 서열 번호 2
AAV CHt-P9	1138	WO2016065001 서열 번호 3
AAV CBr-7.1	1139	WO2016065001 서열 번호 4
AAV CBr-7.2	1140	WO2016065001 서열 번호 5
AAV CBr-7.3	1141	WO2016065001 서열 번호 6
AAV CBr-7.4	1142	WO2016065001 서열 번호 7
AAV CBr-7.5	1143	WO2016065001 서열 번호 8
AAV CBr-7.7	1144	WO2016065001 서열 번호 9
AAV CBr-7.8	1145	WO2016065001 서열 번호 10
AAV CBr-7.10	1146	WO2016065001 서열 번호 11
AAV CKd-N3	1147	WO2016065001 서열 번호 12
AAV CKd-N4	1148	WO2016065001 서열 번호 13
AAV CKd-N9	1149	WO2016065001 서열 번호 14
AAV CLv-L4	1150	WO2016065001 서열 번호 15
AAV CLv-L5	1151	WO2016065001 서열 번호 16
AAV CLv-L6	1152	WO2016065001 서열 번호 17
AAV CLv-K1	1153	WO2016065001 서열 번호 18
AAV CLv-K3	1154	WO2016065001 서열 번호 19
AAV CLv-K6	1155	WO2016065001 서열 번호 20
AAV CLv-M1	1156	WO2016065001 서열 번호 21
AAV CLv-M11	1157	WO2016065001 서열 번호 22
AAV CLv-M2	1158	WO2016065001 서열 번호 23
AAV CLv-M5	1159	WO2016065001 서열 번호 24
AAV CLv-M6	1160	WO2016065001 서열 번호 25
AAV CLv-M7	1161	WO2016065001 서열 번호 26
AAV CLv-M8	1162	WO2016065001 서열 번호 27
AAV CLv-M9	1163	WO2016065001 서열 번호 28
AAV CHt-P1	1164	WO2016065001 서열 번호 29
AAV CHt-P6	1165	WO2016065001 서열 번호 30
AAV CHt-P8	1166	WO2016065001 서열 번호 31
AAV CHt-6.1	1167	WO2016065001 서열 번호 32
AAV CHt-6.10	1168	WO2016065001 서열 번호 33
AAV CHt-6.5	1169	WO2016065001 서열 번호 34
AAV CHt-6.6	1170	WO2016065001 서열 번호 35
AAV CHt-6.7	1171	WO2016065001 서열 번호 36
AAV CHt-6.8	1172	WO2016065001 서열 번호 37
AAV CSp-8.10	1173	WO2016065001 서열 번호 38
AAV CSp-8.2	1174	WO2016065001 서열 번호 39

AAV CSp-8.4	1175	WO2016065001 서열 번호 40
AAV CSp-8.5	1176	WO2016065001 서열 번호 41
AAV CSp-8.6	1177	WO2016065001 서열 번호 42
AAV CSp-8.7	1178	WO2016065001 서열 번호 43
AAV CSp-8.8	1179	WO2016065001 서열 번호 44
AAV CSp-8.9	1180	WO2016065001 서열 번호 45
AAV CBr-B7.3	1181	WO2016065001 서열 번호 46
AAV CBr-B7.4	1182	WO2016065001 서열 번호 47
AAV3B	1183	WO2016065001 서열 번호 48
AAV4	1184	WO2016065001 서열 번호 49
AAV5	1185	WO2016065001 서열 번호 50
AAV CHt-P2	1186	WO2016065001 서열 번호 51
AAV CHt-P5	1187	WO2016065001 서열 번호 52
AAV CHt-P9	1188	WO2016065001 서열 번호 53
AAV CBr-7.1	1189	WO2016065001 서열 번호 54
AAV CBr-7.2	1190	WO2016065001 서열 번호 55
AAV CBr-7.3	1191	WO2016065001 서열 번호 56
AAV CBr-7.4	1192	WO2016065001 서열 번호 57
AAV CBr-7.5	1193	WO2016065001 서열 번호 58
AAV CBr-7.7	1194	WO2016065001 서열 번호 59
AAV CBr-7.8	1195	WO2016065001 서열 번호 60
AAV CBr-7.10	1196	WO2016065001 서열 번호 61
AAV CKd-N3	1197	WO2016065001 서열 번호 62
AAV CKd-N4	1198	WO2016065001 서열 번호 63
AAV CKd-N9	1199	WO2016065001 서열 번호 64
AAV CLv-L4	1200	WO2016065001 서열 번호 65
AAV CLv-L5	1201	WO2016065001 서열 번호 66
AAV CLv-L6	1202	WO2016065001 서열 번호 67
AAV CLv-K1	1203	WO2016065001 서열 번호 68
AAV CLv-K3	1204	WO2016065001 서열 번호 69
AAV CLv-K6	1205	WO2016065001 서열 번호 70
AAV CLv-M1	1206	WO2016065001 서열 번호 71
AAV CLv-M11	1207	WO2016065001 서열 번호 72
AAV CLv-M2	1208	WO2016065001 서열 번호 73
AAV CLv-M5	1209	WO2016065001 서열 번호 74
AAV CLv-M6	1210	WO2016065001 서열 번호 75
AAV CLv-M7	1211	WO2016065001 서열 번호 76
AAV CLv-M8	1212	WO2016065001 서열 번호 77
AAV CLv-M9	1213	WO2016065001 서열 번호 78
AAV CHt-P1	1214	WO2016065001 서열 번호 79
AAV CHt-P6	1215	WO2016065001 서열 번호 80
AAV CHt-P8	1216	WO2016065001 서열 번호 81
AAV CHt-6.1	1217	WO2016065001 서열 번호 82
AAV CHt-6.10	1218	WO2016065001 서열 번호 83
AAV CHt-6.5	1219	WO2016065001 서열 번호 84

[0382]

AAV CHt-6.6	1220	WO2016065001 서열 번호 85
AAV CHt-6.7	1221	WO2016065001 서열 번호 86
AAV CHt-6.8	1222	WO2016065001 서열 번호 87
AAV CSp-8.10	1223	WO2016065001 서열 번호 88
AAV CSp-8.2	1224	WO2016065001 서열 번호 89
AAV CSp-8.4	1225	WO2016065001 서열 번호 90
AAV CSp-8.5	1226	WO2016065001 서열 번호 91
AAV CSp-8.6	1227	WO2016065001 서열 번호 92
AAV CSp-8.7	1228	WO2016065001 서열 번호 93
AAV CSp-8.8	1229	WO2016065001 서열 번호 94
AAV CSp-8.9	1230	WO2016065001 서열 번호 95
AAV CBr-B7.3	1231	WO2016065001 서열 번호 96
AAV CBr-B7.4	1232	WO2016065001 서열 번호 97
AAV3B	1233	WO2016065001 서열 번호 98
AAV4	1234	WO2016065001 서열 번호 99
AAV5	1235	WO2016065001 서열 번호 100
AAVPHP.B 또는 G2B-26	1236	WO2015038958 서열 번호 8 및 13; GenBankALU85156.1
AAVPHP.B	1237	WO2015038958 서열 번호 9
AAVG2B-13	1238	WO2015038958 서열 번호 12
AAVTH1.1-32	1239	WO2015038958 서열 번호 14
AAVTH1.1-35	1240	WO2015038958 서열 번호 15

[0383]

[0384] 표 11에 열거된 특허, 출원 및/또는 공보 각각은 이들의 전문이 참조로 본원에 인용된다.

[0385] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형은 국제 공개 공보 WO2015038958에 기재된 바와 같은 서열일 수 있거나 이를 가질 수 있고, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용되고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 AAV9 (서열번호 2 및 11, WO2015038958 또는 본원에서 각각 서열번호 494 및 495), AAV-PHP.B(PHP.B) (서열번호 8 및 9, WO2015038958, 본원에서 서열번호 1236 및 1237), G2B-13 (서열번호 12, WO2015038958, 본원에서 서열번호 1238), G2B-26 (서열번호 13, WO2015038958, 본원에서 서열번호 1236 및 1237), TH1.1-32 (서열번호 14, WO2015038958, 본원에서 서열번호 1239), TH1.1-35 (서열번호 15, WO2015038958, 본원에서 서열번호 1240) 또는 이의 변이체가 있다. 추가로, WO2015038958에 기재된 임의의 표적화 펩타이드 또는 아미노산 삽입체는 이에 제한되지 않지만, AAV9 (DNA 서열에 대한 서열번호 494 및 아미노산 서열에 대한 서열번호 495)와 같은 임의의 모 AAV 혈청형에 삽입될 수 있다. 하나의 구현예에서, 아미노산 삽입체는 모 AAV (예를 들어, AAV9)의 아미노산 586 내지 592 사이에 삽입된다. 또 다른 구현예에서, 아미노산 삽입체는 모 AAV 서열의 아미노산 588과 589 사이에 삽입된다. 아미노산 삽입체는 이에 제한되지 않지만 하기의 임의의 아미노산 서열일 수 있지만 이에 제한되지 않는다: TLAVPFK (서열번호 1, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1241), KFPVALT (서열번호 3, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1242), LAVPFK (서열번호 31, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1243), AVPFK (서열번호 32, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1244), VPFK (서열번호 33, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1245), TLAVPF (서열번호 34, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1246), TLAVP (서열번호 35, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1247), TLAV (서열번호 36, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1248), SVSKPFL (서열번호 28, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1249), FTLTTPK (서열번호 29, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1250), MNATKNV (서열번호 30, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1251), QSSQTPR (서열번호 54, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1252), ILGTGTS (서열번호 55, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1253), TRTNPEA (서열번호 56, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1254), NGGTSSS (서열번호 58, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1255), 또는 YTLSQGW (서열번호 60, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1256). 아미노산 삽입체를 암호화할 수 있는 뉴클레오타이드 서열의 비제한적인 예는 하기를 포함한다: AAGTTTCCTGTGGCGTTGACT (서열번호 3에 대해, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1257), ACTTTGGCGGTGCCTTTTAAG (서열번호 24 및 49, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1258), AGTGTGAGTAAGCCTTTTTTG (서열번호 25에 대해, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1259), TTTACGTTGACGACGCCTAAG (서열번호 26에 대해, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1260), ATGAATGCTACGAAGAATGTG (서열번호 27에 대해, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1261), CAGTCGTCGCAGACGCCTAGG (서열번호 48에 대해, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1262), ATTCTGGGGACTGGTACTTCG (서열번호 50 및 52, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1263), ACGCGGACTAATCCTGAGGCT (서열번호 51에 대해, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1264), AATGGGGGGACTAGTAGTTCT (서열번호 53에 대해, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1265), 또는 TATACTTTGTCGCAGGGTTGG (서열번호 59에 대해, WO2015038958; 본원에서 서열번호 1266).

[0386] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형은 적어도 하나의 AAV 캡시드 CD8+ T-세포 에피토프를 포함하도록 가공될 수 있다. 후이 등(Hui et al.) (문헌참조: Molecular Therapy - Methods & Clinical Development (2015) 2, 15029

doi:10.1038/mtm.2015.29; 이의 내용은 본원에 전문이 참조로 인용된다)은 AAV1 및 AAV2에 대한 AAV 캡시드-특이적 CD8+ T-세포 에피토프를 동정하였다(예를 들어, 공보에서 표 2를 참조한다). 비제한적인 예로서, 캡시드-특이적 CD8+ T-세포 에피토프는 AAV2 혈청형에 대한 것일 수 있다. 비제한적인 예로서, 캡시드-특이적 CD8+ T-세포 에피토프는 AAV1 혈청형에 대한 것일 수 있다.

[0387] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형은 이에 제한되지 않지만 하기와 같은 AAV2에 대한 적어도 하나의 AAV 캡시드 CD8+ T-세포 에피토프를 포함하도록 가공될 수 있다: SADNNNSEY (서열번호 1267), LIDQYLYYL (서열번호 1268), VPQYGYLTL (서열번호 1269), TTSTRTWAL (서열번호 1270), YHLNGRDSL (서열번호 1271), SQAVGRSSF (서열번호 1272), VPANPSTTF (서열번호 1273), FPQSGVLIF (서열번호 1274), YFDFNRFHCHFSPRD (서열번호 1275), VGNSSGNWHCDSTWM (서열번호 1276), QFSQAGASDIRDQSR (서열번호 1277), GASDIRQSRNWLP (서열번호 1278) 및 GNRQAATADVNTQGV (서열번호 1279).

[0388] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형은 이에 제한되지 않지만 하기와 같은 AAV1에 대한 적어도 하나의 AAV 캡시드 CD8+ T-세포 에피토프를 포함하도록 가공될 수 있다: LDRLMNPLI (서열번호 1280), TTSTRTWAL (서열번호 1270), 및 QPAKKRLNF (서열번호 1281)).

[0389] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형 내 포함하기 위한 펩타이드는 후이 등 (Hui et al.) (문헌참조: Molecular Therapy - Methods & Clinical Development (2015) 2, 15029 doi:10.1038/mtm.2015.29; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 의해 기재된 방법을 사용하여 동정될 수 있다. 비제한적인 예로서, 상기 과정은 AAV 캡시드 단백질의 아미노산 서열에 걸쳐 있는 개별 펩타이드, 시험관내 재자극을 위해 사용되는 개별 펩타이드와 함께 IFN-감마 ELISpot, IFN-감마 ELISpot에 의해 동정된 15량체의 HLA 제한 부위를 결정하기 위한 생물정보 분석, 소정의 HLA 대립유전자에 대한 후보물 반응성 9량체 에피토프의 동정, 합성 후보물 9-량체, 동정된 AAV 에피토프가 결합할 것으로 예측되는 HLA 대립유전자를 갖는 대상체로부터 비장세포의 제2 IFN-감마 ELISpot 스크리닝을 사용하여 사람 비장세포를 분리하고, 비장세포를 재자극함을 포함하고, AAV 캡시드-반응성 CD8+ T 세포 에피토프를 결정하고 소정의 AAV 에피토프와 반응하는 대상체의 빈도를 결정한다.

[0390] 하나의 구현예에서, AAV는 문헌[참조: Deverman et al., (Nature Biotechnology 34(2):204-209 (2016)), 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)]에 기재된 바와 같은 Cre-재조합-기반 AAV 표적화된 전개(CREATE)에 의해 생성되는 혈청형일 수 있다. 하나의 구현예에서, 상기 방식으로 생성된 AAV 혈청형은 다른 AAV 혈청형과 비교하여 개선된 CNS 형질도입 및/또는 신경세포 및 성상교세포 트로피즘을 갖는다. 비제한적인 예로서, AAV 혈청형은 PHP.B, PHP.B2, PHP.B3, PHP.A, G2A12, G2A15일 수 있다. 하나의 구현예에서, 이들 AAV 혈청형은 아미노산 588과 589 사이에 7-아미노산 삽입체를 갖는 AAV9 (서열번호 494 및 495) 유도체일 수 있다. 이들 7-아미노산 삽입체의 비제한적인 예는 다음을 포함한다: TLAVPFK (서열번호 1241), SVSKPFL (서열번호 1249), FTLTTPK (서열번호 1250), YTLSQGW (서열번호 1256), QAVRTSL (서열번호 1282) 및/또는 LAKERLS (서열번호 1283).

[0391] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형은 문헌[참조: Jackson et al (Frontiers in Molecular Neuroscience 9:154 (2016)), 이의 내용은 전문이 본원에 참조로 인용된다]에 기재된 바와 같을 수 있다. 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 PHP.B 또는 AAV9이다. 일부 구현예에서, AAV 혈청형은 시냅신 프로모터와 쌍을 이루어 보다 흔한 프로모터 (즉, CBA 또는 CMV)와 사용되는 경우와 비교하여 신경세포 형질도입을 증진시킨다.

[0392] 하나의 구현예에서, AAV 혈청형에 포함시키기 위한 펩타이드는 AAV 캡시드 단백질의 아미노산 서열에 걸쳐 있는 개별 펩타이드, 시험관내 재자극을 위해 사용되는 개별 펩타이드와 함께 IFN-감마 ELISpot, IFN-감마 ELISpot에 의해 동정된 15량체의 소정의 대리유전자 제한 부위를 결정하기 위한 생물정보 분석, 소정의 대립유전자에 대한 후보물 반응성 9량체 에피토프의 동정, 합성 후보물 9-량체, 동정된 AAV 에피토프가 결합할 것으로 예측되는 특이적 대립유전자를 갖는 대상체로부터 비장세포의 제2 IFN-감마 ELISpot 스크리닝을 사용하여 사람 비장세포를 분리하고, 비장세포를 재자극함에 의해 동정될 수 있고, AAV 캡시드-반응성 CD8+ T 세포 에피토프를 결정하고 소정의 소정의 AAV 에피토프와 반응하는 대상체의 빈도를 결정한다.

[0393] siRNA 분자에 대한 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 AAV1, AAV2, AAV3, AAV4, AAV5, AAV6, AAV7, AAV8, AAV9, AAV9.47, AAV9(hu14), AAV10, AAV11, AAV12, AAVrh8, AAVrh10, AAV-DJ8, AAV-DJ, AAV-PHP.A(PHP.A), 및/또는 AAV-PHP.B(PHP.B)를 포함하지만 이에 제한되지 않는 AAV의 다양한 혈청형으로부터 제조되거나 유래될 수 있다. 일부 경우에, AAV의 상이한 혈청형은 함께 혼합되거나 키메라 AAV 벡터를 생성하기 위해 다른 유형의 바이러스와 혼합될 수 있다. 비-제한적인 예로서, AAV 벡터는 AAV9 혈청형으로부터 유래된다.

[0394] *바이러스 게놈 성분: 역위 말단 반복체(ITR)*

[0395] 본 발명의 AAV 입자는 적어도 하나의 ITR 영역 및 페이로드 영역을 갖는 바이러스 게놈을 포함한다. 하나의 구현예에서, 바이러스 게놈은 2개의 ITR을 갖는다. 이들 2개의 ITR은 5' 및 3' 말단에서 페이로드 영역을 플랭킹한다. ITR은 복제를 위한 인지 부위를 포함하는 복제 오리진으로서 기능한다. ITR은 상보적이고 대칭으로 정렬될 수 있는 서열 영역을 포함한다. 본 발명의 바이러스 게놈으로 혼입되는 ITR은 천연적으로 존재하는 폴리뉴클레오타이드 서열 또는 재조합 유래된 폴리뉴클레오타이드 서열로 구성될 수 있다.

[0396] ITR은 캡시드와 동일한 혈청형으로부터 유래될 수 있거나, 표 6에 열거된 임의의 혈청형 또는 이의 유도체로부터 선택될 수 있다. ITR은 캡시드로부터의 상이한 혈청형을 가질 수 있다. 하나의 구현예에서, AAV 입자는 하나 초과의 ITR을 갖는다. 비제한적인 예에서, AAV 입자는 2개의 ITR을 포함하는 바이러스 게놈을 갖는다. 하나의 구현예에서, ITR은 서로 동일한 혈청형을 갖는다. 또 다른 구현예에서, ITR은 상이한 혈청형을 갖는다. 비제한적인 예는 제로, 또는 캡시드와 동일한 혈청형을 갖는 ITR 중 하나 또는 둘 다를 포함한다. 하나의 구현예에서, AAV 입자의 바이러스 게놈의 ITR 둘 다는 AAV2 ITR이다.

[0397] 독립적으로, 각각의 ITR은 길이가 100 내지 약 150 뉴클레오타이드일 수 있다. ITR은 약 100-105 뉴클레오타이드 길이, 106-110 뉴클레오타이드 길이, 111-115 뉴클레오타이드 길이, 116-120 뉴클레오타이드 길이, 121-125 뉴클레오타이드 길이, 126-130 뉴클레오타이드 길이, 131-135 뉴클레오타이드 길이, 136-140 뉴클레오타이드 길이, 141-145 뉴클레오타이드 길이 또는 146-150 뉴클레오타이드 길이일 수 있다. 하나의 구현예에서, ITR은 140-142 뉴클레오타이드 길이이다. ITR 길이의 비제한적인 예는 102, 140, 141, 142, 145 뉴클레오타이드 길이이고 이와 이와 적어도 95% 동일성을 갖는 길이이다.

[0398] 하나의 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 플립 ITR의 5' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 플립 ITR의 3' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 플롭 ITR의 5' 말단 근처에 위치할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 플롭 ITR의 3' 말단 근처에 위치할 수 있다. 하나의 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 플립 ITR의 5' 말단과 플롭 ITR의 3' 말단 사이에 위치할 수 있다. 하나의 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 플립 ITR의 3' 말단과 플립 ITR의 5' 말단 사이에 위치할 수 있다(예를 들어, 플립 ITR의 5' 말단과 플롭 ITR의 3' 말단 사이의 중간 지점 또는 플롭 ITR의 3' 말단과 플립 ITR의 5' 말단 사이의 중간 지점). 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 ITR (예를 들어, 플립 또는 플롭 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오타이드 다운스트림 내에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 ITR (예를 들어, 플립 또는 플롭 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오타이드 업스트림 내에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 ITR (예를 들어, 플립 또는 플롭 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1-5, 1-10, 1-15, 1-20, 1-25, 1-30, 5-10, 5-15, 5-20, 5-25, 5-30, 10-15, 10-20, 10-25, 10-30, 15-20, 15-25, 15-30, 20-25, 20-30 또는 25-30 뉴클레오타이드 다운스트림 내에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 ITR (예를 들어, 플립 또는 플롭 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 1-5, 1-10, 1-15, 1-20, 1-25, 1-30, 5-10, 5-15, 5-20, 5-25, 5-30, 10-15, 10-20, 10-25, 10-30, 15-20, 15-25, 15-30, 20-25, 20-30 또는 25-30 업스트림 내에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 ITR (예를 들어, 플립 또는 플롭 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 뉴클레오타이드 업스트림에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 ITR (예를 들어, 플립 또는 플롭 ITR)의 5' 또는 3' 말단으로부터 처음 1-5%, 1-10%, 1-15%, 1-20%, 1-25%, 5-10%, 5-15%, 5-20%, 5-25%, 10-15%, 10-20%, 10-25%, 15-20%, 15-25%, 또는 20-25% 다운스트림에 위치할 수 있다.

[0399] *바이러스 게놈 성분: 프로모터*

[0400] 당업자는 표적 세포가 종 특이적, 유도성, 조직-특이적, 또는 세포 주기-특이적인 프로모터를 포함하지만 이에 제한되지 않는 특이적 프로모터를 필요로 할 수 있음을 인지할 수 있다(문헌참조: Parr et al., *Nat. Med.*3:1145-9 (1997); 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다).

[0401] 하나의 구현예에서, 프로모터는 조절 폴리뉴클레오타이드의 발현을 구동시키기 위해 효율적인 것으로 간주되는

프로모터이다.

[0402] 하나의 구현예에서, 프로모터는 표적화된 세포에 대한 트로피즘을 갖는 프로모터이다.

[0403] 하나의 구현예에서, 프로모터는 약한 프로모터이고, 이는 이에 제한되지 않지만 신경계 조직과 같은 표적화된 조직에서 장기간 동안 페이로드, 예를 들어, 조절 폴리뉴클레오타이드, siRNA 또는 dsRNA의 발현을 제공한다. 발현은 1시간, 2시간, 3시간, 4시간, 5시간, 6시간, 7시간, 8시간, 9시간, 10시간, 11시간, 12시간, 13시간, 14시간, 15시간, 16 시간, 17시간, 18시간, 19시간, 20시간, 21시간, 22시간, 23시간, 1일, 2일, 3일, 4일, 5일, 6일, 1주, 8일, 9일, 10일, 11일, 12일, 13일, 2주, 15일, 16일, 17일, 18일, 19 일, 20일, 3주, 22일, 23일, 24일, 25일, 26일, 27일, 28일, 29일, 30일, 31일, 1개월, 2개월, 3개월, 4개월, 5개월, 6개월, 7개월, 8개월, 9개월, 10개월, 11개월, 1년, 12개월, 14개월, 15개월, 16개월, 17개월, 18개월, 19개월, 20개월, 21개월, 22개월, 23 개월, 2년, 3년, 4년, 5년, 6년, 7년, 8년, 9년, 10년 또는 10년 초과 기간 동안일 수 있다. 발현은 1-5시간, 1-12시간, 1-2일, 1-5일, 1-2주, 1-3주, 1-4주, 1-2개월, 1-4개월, 1-6개월, 2-6개월, 3-6개월, 3-9개월, 4-8개월, 6-12개월, 1-2년, 1-5년, 2-5년, 3-6년, 3-8년, 4-8년 또는 5-10년 동안일 수 있다. 비제한적인 예로서, 프로모터는 신경 조직 내 페이로드의 지속적 발현을 위한 약한 프로모터이다.

[0404] 하나의 구현예에서, 프로모터는 1 kb 미만인 프로모터일 수 있다. 상기 프로모터는 200, 210, 220, 230, 240, 250, 260, 270, 280, 290, 300, 310, 320, 330, 340, 350, 360, 370, 380, 390, 400, 410, 420, 430, 440, 450, 460, 470, 480, 490, 500, 510, 520, 530, 540, 550, 560, 570, 580, 590, 600, 610, 620, 630, 640, 650, 660, 670, 680, 690, 700, 710, 720, 730, 740, 750, 760, 770, 780, 790, 800 또는 800 초과의 길이를 가질 수 있다. 프로모터는 200-300, 200-400, 200-500, 200-600, 200-700, 200-800, 300-400, 300-500, 300-600, 300-700, 300-800, 400-500, 400-600, 400-700, 400-800, 500-600, 500-700, 500-800, 600-700, 600-800 또는 700-800의 길이를 가질 수 있다.

[0405] 하나의 구현예에서, 프로모터는 이에 제한되지 않지만 CMV 및 CBA와 같은 2개 이상의 성분의 조합일 수 있다. 각각의 성분은 200, 210, 220, 230, 240, 250, 260, 270, 280, 290, 300, 310, 320, 330, 340, 350, 360, 370, 380, 381, 382, 383, 384, 385, 386, 387, 388, 389, 390, 400, 410, 420, 430, 440, 450, 460, 470, 480, 490, 500, 510, 520, 530, 540, 550, 560, 570, 580, 590, 600, 610, 620, 630, 640, 650, 660, 670, 680, 690, 700, 710, 720, 730, 740, 750, 760, 770, 780, 790, 800 또는 800 초과의 길이를 가질 수 있다. 각각의 성분은 200-300, 200-400, 200-500, 200-600, 200-700, 200-800, 300-400, 300-500, 300-600, 300-700, 300-800, 400-500, 400-600, 400-700, 400-800, 500-600, 500-700, 500-800, 600-700, 600-800 또는 700-800의 길이를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, 프로모터는 382 뉴클레오타이드 CMV-인핸서 서열 및 260 뉴클레오타이드 CBA-프로모터 서열의 조합이다.

[0406] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 표적 특이성 및 발현을 증진시키기 위해 적어도 하나의 요소를 포함한다(문헌 참조: 예를 들어, Powell et al. *Viral Expression Cassette Elements to Enhance Transgene Target Specificity and Expression in Gene Therapy*, 2015; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다). 조직 표적 특이성 및 발현을 증진시키기 위한 요소들의 비제한적인 예는 프로모터, 내인성 miRNA, 전사 후 조절 요소들(PRE), 폴리아데닐화(PolyA) 시그날 서열 및 업스트림 인핸서(USE), CMV 인핸서 및 인트론을 포함한다.

[0407] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 프로모터와 같은 표적 특이성 및 발현을 증진시키기 위해 적어도 하나의 요소를 포함한다(문헌참조: 예를 들어, Powell et al. *Viral Expression Cassette Elements to Enhance Transgene Target Specificity and Expression in Gene Therapy*, 2015; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다).

[0408] 대부분의 조직에서 발현을 촉진시키기 위한 프로모터는 사람 연장 인자 1α-서브유니트(EF1α), 이메디에이트-어얼리 사이토메갈로바이러스(CMV), 닭 β-액틴(CBA) 및 이의 유도체 CAG, β 글루쿠로니다제(GUSB), 또는 유비퀴틴 C(UBC)를 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 조직-특이적 발현 요소들을 사용하여 발현을 특정 세포 유형으로 제한할 수 있고, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 발현을 신경세포, 성상교세포 또는 희소돌기아교세포를 제한하기 위해 사용될 수 있는 신경계 프로모터가 있다. 신경세포에 대한 조직-특이적 발현 요소들의 비제한적인 예는 신경세포-특이적 에놀라제(NSE), 혈소판-유래된 성장 인자(PDGF), 혈소판-유래된 성장 인자 B-쇄(PDGF-β), 시냅신(Syn), 메틸-CpG 결합 단백질 2(MeCP2), CaMKII, mGluR2, NFL, NFH, nβ2, PPE, Enk 및 EAAT2 프로모터를 포함한다. 성상교세포에 대한 조직-특이적 발현 요소들의 비제한적인 예는 신경교섬유산성 단백질(GFAP) 및 EAAT2 프로모터를 포함한다. 희소돌기아교세포에 대한 조직-특이적 발현 요소의 비제한적인 예는 미엘린 염기성 단백질 (MBP) 프로모터를 포함한다.

[0409] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 보다 흔한 프로모터를 포함한다. 보다 흔한 프로모터의 비제한적인 예는 H1, U6, CMV, CBA(유도체 CAG, CBh, 등을 포함하는), EF-1α, PGK, UBC, GUSB (hGBp), 및 UCOE (HNRPA2B1-CBX3의 프로모터)를 포함한다. 유 등(Yu et al.)(문헌참조: Molecular Pain 2011, 7:63; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)은 렌티바이러스 벡터를 사용하여 래트 DRG 세포 및 1차 CAG, EFIα, PGK 및 UBC 프로모터 하에 eGFP의 발현을 평가하고 UBC가 다른 3개의 프로모터 보다 약한 발현을 보여주었고 모든 프로모터에 대해 나타나는 신경교 발현이 불과 10 내지 12%임을 밝혔다. 소더블롬 등(Soderblom et al.)(문헌참조: E. Neuro 2015; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)은 운동 피질에서 주사 후 CMV 및 UBC 프로모터를 사용한 AAV8에서 및 CMV 프로모터를 사용한 AAV2에서의 eGFP의 발현을 보고하였다. UBC 또는 EFIα 프로모터를 함유하는 플라스미드의 비강내 투여는 CMV 프로모터를 사용한 발현 초과의 지속적 기도 발현을 보여주었다(문헌참조: 예를 들어, Gill et al., Gene Therapy 2001, Vol. 8, 1539-1546; 이의 내용은 이의 전문이 참조로 인용된다). 후세인 등(Husain et al.)(문헌참조: Gene Therapy 2009; 이의 내용은 이의 전문이 참조로 인용된다)은 hGUSB 프로모터, HSV-1LAT 프로모터 및 NSE 프로모터를 갖는 HβH 작제물을 평가하였고 상기 HβH 작제물이 마우스 뇌에서 NSE 보다 약한 발현을 보여주었음을 밝혔다. 파시니 및 월프(Passini and Wolfe)(문헌참조: J. Virol. 2001, 12382-12392, 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로서 인용된다)는 신생아 마우스에서 심실내 주사 후 HβH 벡터의 장기 효과를 평가하고 적어도 1년 동안 지속적 발현이 있음을 밝혔다. CMV-lacZ, CMV-luc, EF, GFAP, hENK, nAChR, PPE, PPE + wpre, NSE (0.3 kb), NSE (1.8 kb) 및 NSE (1.8 kb + wpre)와 비교하여 모든 뇌 영역에서 저발현은 수 등(Xu et al.) (문헌참조: Gene Therapy 2001, 8, 1323-1332; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용됨)에 의해 밝혀졌다. 수 등(Xu et al.)은 하강 순서로 프로모터 활성이 NSE (1.8 kb), EF, NSE (0.3 kb), GFAP, CMV, hENK, PPE, NFL 및 NFH임을 밝혔다. NFL은 650 뉴클레오타이드 프로모터이고 NFH는 920 뉴클레오타이드이고, 이 둘 다는 간에서 부재이지만 NFH는 감각 자기수용 신경세포, 뇌 및 척수에서 풍부하고 NFH는 심장에 존재한다. Scn8a는 DRG, 척수 및 뇌 전반에 걸쳐 발현하는 470 뉴클레오타이드 프로모터이고 특히 고발현은 해마 신경세포 및 소뇌 푸르키네 세포, 피질, 시상 및 시상하부에서 나타났다(문헌참조: 예를 들어, Drews et al. 2007 and Raymond et al. 2004; 이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다).

[0410] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 UBC 프로모터를 포함한다. UBC 프로모터는 300-350 뉴클레오타이드 크기를 가질 수 있다. 비-제한적인 예로서, UBC 프로모터는 332 뉴클레오타이드이다.

[0411] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 GUSB 프로모터를 포함한다. GUSB 프로모터는 350-400 뉴클레오타이드 크기를 가질 수 있다. 비-제한적인 예로서, GUSB 프로모터는 378 뉴클레오타이드이다. 비제한적인 예로서, 작제물은 AAV-프로모터-CMV/글로빈 인트론-조절 폴리뉴클레오타이드-RBG일 수 있고, 여기서, 상기 AAV는 자가-상보성이고 상기 AAV는 DJ 혈청형일 수 있다.

[0412] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 NFL 프로모터를 포함한다. NFL 프로모터는 600-700 뉴클레오타이드 크기를 가질 수 있다. 비-제한적인 예로서, NFL 프로모터는 650 뉴클레오타이드이다. 비제한적인 예로서, 작제물은 AAV-프로모터-CMV/글로빈 인트론-조절 폴리뉴클레오타이드-RBG일 수 있고, 여기서, 상기 AAV는 자가-상보성이고 상기 AAV는 DJ 혈청형일 수 있다.

[0413] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 NFH 프로모터를 포함한다. NFH 프로모터는 900-950 뉴클레오타이드 크기를 가질 수 있다. 비-제한적인 예로서, NFH 프로모터는 920 뉴클레오타이드이다. 비제한적인 예로서, 작제물은 AAV-프로모터-CMV/글로빈 인트론-조절 폴리뉴클레오타이드-RBG일 수 있고, 여기서, 상기 AAV는 자가-상보성이고 상기 AAV는 DJ 혈청형일 수 있다.

[0414] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 scn8a 프로모터를 포함한다. Scn8a 프로모터는 450-500 뉴클레오타이드 크기를 가질 수 있다. 비-제한적인 예로서, scn8a 프로모터는 470 뉴클레오타이드이다. 비제한적인 예로서, 작제물은 AAV-프로모터-CMV/글로빈 인트론-조절 폴리뉴클레오타이드-RBG일 수 있고, 여기서, 상기 AAV는 자가-상보성이고 상기 AAV는 DJ 혈청형일 수 있다.

[0415] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 Pol III 프로모터를 포함한다.

[0416] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 P1 프로모터를 포함한다.

[0417] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 FXN 프로모터를 포함한다.

[0418] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 PGK 프로모터를 포함한다.

[0419] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 CBA 프로모터를 포함한다.

[0420] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 CMV 프로모터를 포함한다.

[0421] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 H1 프로모터를 포함한다.

[0422] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 U6 프로모터를 포함한다.

[0423] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 간 또는 골격근 프로모터를 포함한다. 간 프로모터의 비제한적인 예는 hAAT 및 TBG를 포함한다. 골격근 프로모터의 비제한적인 예는 Desmin, MCK 및 C5-12를 포함한다.

[0424] 하나의 구현예에서, AAV 벡터는 인핸서 요소, 프로모터 및/또는 5' UTR 인트론을 포함한다. 인핸서는 CMV 인핸서일 수 있지만 이에 제한되지 않고, 프로모터는 CMV, CBA, UBC, GUSB, NSE, 시냅신, MeCP2, 및 GFAP 프로모터일 수 있지만 이에 제한되지 않고 5'UTR/인트론은 SV40, 및 CBA-MVM일 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 비제한적인 예로서, 조합하여 사용되는, 인핸서, 프로모터 및/또는 인핸서는 다음과 같을 수 있다: (1) CMV 인핸서, CMV 프로모터, SV40 5'UTR 인트론; (2) CMV 인핸서, CBA 프로모터, SV 40 5'UTR 인트론; (3) CMV 인핸서, CBA 프로모터, CBA-MVM 5'UTR 인트론; (4) UBC 프로모터; (5) GUSB 프로모터; (6) NSE 프로모터; (7) 시냅신 프로모터; (8) MeCP2 프로모터; (9) GFAP 프로모터, (10) H1 프로모터; 및 (11) U6 프로모터.

[0425] 하나의 구현예에서, AAV 벡터는 가공된 프로모터를 갖는다.

[0426] *바아러스 게놈 성분: 인트론*

[0427] 하나의 구현예에서, 벡터 게놈은 인트론과 같은 전이유전자 표적 특이성 및 발현을 증진시키기 위한 적어도 하나의 요소를 포함한다(문헌참조: 예를 들어, Powell et al. *Viral Expression Cassette Elements to Enhance Transgene Target Specificity and Expression in Gene Therapy*, 2015; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다). 인트론의 비제한적인 예는 MVM (67-97 bps), F.IX 절단된 인트론 1 (300 bps), β-글로빈 SD/면역글로불린 중쇄 스플라이스 수용체(250 bps), 아데노바이러스 스플라이스 공여체/면역글로불린 스플라이스 수용체(500 bps), SV40 레이트 스플라이스 공여체/스플라이스 수용체(19S/16S) (180 bps) 및 하이브리드 아데노바이러스 스플라이스 공여체/IgG 스플라이스 수용체(230 bps)를 포함한다.

[0428] 하나의 구현예에서, 인트론은 100-500 뉴클레오타이드 길이일 수 있다. 인트론은 80, 90, 100, 110, 120, 130, 140, 150, 160, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179, 180, 190, 200, 210, 220, 230, 240, 250, 260, 270, 280, 290, 300, 310, 320, 330, 340, 350, 360, 370, 380, 390, 400, 410, 420, 430, 440, 450, 460, 470, 480, 490 또는 500의 길이를 가질 수 있다. 프로모터는 80-100, 80-120, 80-140, 80-160, 80-180, 80-200, 80-250, 80-300, 80-350, 80-400, 80-450, 80-500, 200-300, 200-400, 200-500, 300-400, 300-500, 또는 400-500의 길이를 가질 수 있다.

[0429] 하나의 구현예에서, AAV 벡터 게놈은 CMV 또는 U6과 같은 프로모터를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 비제한적인 예로서, 본 발명의 siRNA 분자에 대한 핵산 서열을 포함하는 AAV에 대한 프로모터는 CMV 프로모터이다. 비제한적인 예로서, 본 발명의 siRNA 분자에 대한 핵산 서열을 포함하는 AAV에 대한 프로모터는 U6 프로모터이다.

[0430] 하나의 구현예에서, AAV 벡터는 CMV 프로모터를 포함할 수 있다.

[0431] 하나의 구현예에서, AAV 벡터는 U6 프로모터를 포함할 수 있다.

[0432] 하나의 구현예에서, AAV 벡터는 CMV 및 U6 프로모터를 포함할 수 있다.

[0433] 하나의 구현예에서, AAV 벡터는 H1 프로모터를 포함할 수 있다.

[0434] 하나의 구현예에서, AAV 벡터는 CBA 프로모터를 포함할 수 있다.

[0435] 하나의 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내에서 이에 제한되지 않지만 CMV, U6, H1, CBA 또는 CBA 프로모터 또는 당업계에 공지된 기타 프로모터와 같은 프로모터의 다운스트림에 위치할 수 있다. 추가로, 암호화된 siRNA 분자는 또한 발현 벡터 내 폴리아데닐화 서열의 업스트림에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내에서 프로모터로부터 다운스트림 및/또는 폴리아데닐화 서열의 업스트림 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오타이드 내에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내에서 프로모터로부터 다운스트림 및/또는 폴리아데닐화 서열의 업스트림 1-5, 1-10, 1-15, 1-

20, 1-25, 1-30, 5-10, 5-15, 5-20, 5-25, 5-30, 10-15, 10-20, 10-25, 10-30, 15-20, 15-25, 15-30, 20-25, 20-30 또는 25-30 뉴클레오타이드 내에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내에서 프로모터로부터 다운스트림 및/또는 폴리아데닐화 서열의 업스트림의 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 뉴클레오타이드에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내에서 프로모터로부터 다운스트림 및/또는 폴리아데닐화 서열의 업스트림의 처음 1-5%, 1-10%, 1-15%, 1-20%, 1-25%, 5-10%, 5-15%, 5-20%, 5-25%, 10-15%, 10-20%, 10-25%, 15-20%, 15-25%, 또는 20-25%에 위치할 수 있다.

[0436] *바이러스 게놈 성분: 폴리아데닐화 서열*

[0437] 하나의 구현예에서, 본 발명의 AAV 입자의 바이러스 게놈은 적어도 하나의 폴리아데닐화 서열을 포함한다. AAV 입자의 바이러스 게놈은 페이로드 암호화 서열의 3' 말단과 3' ITR의 5' 말단 사이에 폴리아데닐화 서열을 포함할 수 있다.

[0438] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열 또는 "폴리A 서열"은 부재 내지 약 500 뉴클레오타이드 길이 범위일 수 있다. 폴리아데닐화 서열은 이에 제한되지 않지만 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 158, 159, 160, 161, 162, 163, 164, 165, 166, 167, 168, 169, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179, 180, 181, 182, 183, 184, 185, 186, 187, 188, 189, 190, 191, 192, 193, 194, 195, 196, 197, 198, 199, 200, 201, 202, 203, 204, 205, 206, 207, 208, 209, 210, 211, 212, 213, 214, 215, 216, 217, 218, 219, 220, 221, 222, 223, 224, 225, 226, 227, 228, 229, 230, 231, 232, 233, 234, 235, 236, 237, 238, 239, 240, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 252, 253, 254, 255, 256, 257, 258, 259, 260, 261, 262, 263, 264, 265, 266, 267, 268, 269, 270, 271, 272, 273, 274, 275, 276, 277, 278, 279, 280, 281, 282, 283, 284, 285, 286, 287, 288, 289, 290, 291, 292, 293, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 301, 302, 303, 304, 305, 306, 307, 308, 309, 310, 311, 312, 313, 314, 315, 316, 317, 318, 319, 320, 321, 322, 323, 324, 325, 326, 327, 328, 329, 330, 331, 332, 333, 334, 335, 336, 337, 338, 339, 340, 341, 342, 343, 344, 345, 346, 347, 348, 349, 350, 351, 352, 353, 354, 355, 356, 357, 358, 359, 360, 361, 362, 363, 364, 365, 366, 367, 368, 369, 370, 371, 372, 373, 374, 375, 376, 377, 378, 379, 380, 381, 382, 383, 384, 385, 386, 387, 388, 389, 390, 391, 392, 393, 394, 395, 396, 397, 398, 399, 400, 401, 402, 403, 404, 405, 406, 407, 408, 409, 410, 411, 412, 413, 414, 415, 416, 417, 418, 419, 420, 421, 422, 423, 424, 425, 426, 427, 428, 429, 430, 431, 432, 433, 434, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 441, 442, 443, 444, 445, 446, 447, 448, 449, 450, 451, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 458, 459, 460, 461, 462, 463, 464, 465, 466, 467, 468, 469, 470, 471, 472, 473, 474, 475, 476, 477, 478, 479, 480, 481, 482, 483, 484, 485, 486, 487, 488, 489, 490, 491, 492, 493, 494, 495, 496, 497, 498, 499, 및 500 뉴클레오타이드 길이일 수 있다.

[0439] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 50-100 뉴클레오타이드 길이이다.

[0440] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 50-150 뉴클레오타이드 길이이다.

[0441] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 50-160 뉴클레오타이드 길이이다.

[0442] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 50-200 뉴클레오타이드 길이이다.

[0443] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 60-100 뉴클레오타이드 길이이다.

[0444] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 60-150 뉴클레오타이드 길이이다.

[0445] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 60-160 뉴클레오타이드 길이이다.

[0446] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 60-200 뉴클레오타이드 길이이다.

[0447] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 70-100 뉴클레오타이드 길이이다.

[0448] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 70-150 뉴클레오타이드 길이이다.

[0449] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 70-160 뉴클레오타이드 길이이다.

[0450] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 70-200 뉴클레오타이드 길이이다.

[0451] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 80-100 뉴클레오타이드 길이이다.

[0452] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 80-150 뉴클레오타이드 길이이다.

[0453] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 80-160 뉴클레오타이드 길이이다.

[0454] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 80-200 뉴클레오타이드 길이이다.

[0455] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 90-100 뉴클레오타이드 길이이다.

[0456] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 90-150 뉴클레오타이드 길이이다.

[0457] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 90-160 뉴클레오타이드 길이이다.

[0458] 하나의 구현예에서, 폴리아데닐화 서열은 90-200 뉴클레오타이드 길이이다.

[0459] 하나의 구현예에서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내 폴리아데닐화 서열의 업스트림에 위치할 수 있다. 추가로, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내에서 이에 제한되지 않지만 CMV, U6, H1, CBA, 또는 CBA 프로모터의 다운스트림에 SV40 또는 베타글로빈 인트론과 함께 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내에서 프로모터로부터 다운스트림 및/또는 폴리아데닐화 서열의 업스트림 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30 또는 30 초과의 뉴클레오타이드 내에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내에서 프로모터로부터 다운스트림 및/또는 폴리아데닐화 서열의 업스트림 1-5, 1-10, 1-15, 1-20, 1-25, 1-30, 5-10, 5-15, 5-20, 5-25, 5-30, 10-15, 10-20, 10-25, 10-30, 15-20, 15-25, 15-30, 20-25, 20-30 또는 25-30 뉴클레오타이드 내에 위치할 수 있다. 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내에서 프로모터로부터 다운스트림 및/또는 폴리아데닐화 서열의 업스트림의 처음 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8%, 9%, 10%, 15%, 20%, 25% 또는 25% 초과의 뉴클레오타이드에 위치할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 암호화된 siRNA 분자는 발현 벡터 내에서 프로모터로부터 다운스트림 및/또는 폴리아데닐화 서열의 업스트림의 처음 1-5%, 1-10%, 1-15%, 1-20%, 1-25%, 5-10%, 5-15%, 5-20%, 5-25%, 10-15%, 10-20%, 10-25%, 15-20%, 15-25%, 또는 20-25%에 위치할 수 있다.

[0460] *발현 벡터*

[0461] 하나의 구현예에서, 발현 벡터(예를 들어, AAV 벡터)는 본원에 기재된 siRNA 서열 또는 듀플렉스 중 적어도 하나를 암호화하는 조절 폴리뉴클레오타이드의 적어도 하나를 포함할 수 있다.

[0462] 하나의 구현예에서, 발현 벡터는 5'에서 3'의 ITR에서 ITR로 ITR, 프로모터, 인트론, 조절 폴리뉴클레오타이드, 폴리A 서열 및 ITR를 포함할 수 있다.

[0463] *게놈 크기*

[0464] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 조절 폴리뉴클레오타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 단일 가닥 또는 이중 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 벡터 게놈의 크기는 소형, 중형, 대형 또는 최대 크기일 수 있다. 추가로, 상기 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0465] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 조절 폴리뉴클레오타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 소형 단일 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 소형 단일 가닥 벡터 게놈은 크기가 2.7 내지 3.5 kb, 예를 들어, 약 크기가 2.7, 2.8, 2.9, 3.0, 3.1, 3.2, 3.3, 3.4, 및 3.5 kb일 수 있다. 비제한적인 예로서, 소형 단일 가닥 벡터 게놈은 크기가 3.2 kb일 수 있다. 추가로, 상기 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0466] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 조절 폴리뉴클레오타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 소형 이중 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 소형 이중 가닥 벡터 게놈은 크기가 1.3 내지 1.7 kb, 예를 들어, 크기가 약 1.3, 1.4, 1.5, 1.6, 및 1.7 kb일 수 있다. 비제한적인 예로서, 소형 이중 가닥 벡터 게놈은 크기가 1.6 kb

일 수 있다. 추가로, 상기 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0467] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 조절 폴리뉴클레오타이드를 암호화하는 핵산 서열, 예를 들어, siRNA 또는 dsRNA를 포함하는 벡터 게놈은 중형 단일 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 중형 단일 가닥 벡터 게놈은 크기가 3.6 내지 4.3 kb, 예를 들어, 크기가 약 3.6, 3.7, 3.8, 3.9, 4.0, 4.1, 4.2, 및 4.3 kb일 수 있다. 비제한적인 예로서, 중형 단일 가닥 벡터 게놈은 크기가 4.0 kb일 수 있다. 추가로, 상기 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0468] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 조절 폴리뉴클레오타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 중형 이중 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 중형 이중 가닥 벡터 게놈은 크기가 1.8 내지 2.1 kb, 예를 들어, 크기가 약 1.8, 1.9, 2.0, 및 2.1 kb일 수 있다. 비제한적인 예로서, 중형 이중 가닥 벡터 게놈은 크기가 2.0 kb일 수 있다. 추가로, 상기 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0469] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 조절 폴리뉴클레오타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 대형 단일 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 대형 단일 가닥 벡터 게놈은 크기가 4.4 내지 6.0 kb, 예를 들어, 크기가 약 4.4, 4.5, 4.6, 4.7, 4.8, 4.9, 5.0, 5.1, 5.2, 5.3, 5.4, 5.5, 5.6, 5.7, 5.8, 5.9 및 6.0 kb일 수 있다. 비제한적인 예로서, 대형 단일 가닥 벡터 게놈은 크기가 4.7 kb일 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 대형 단일 가닥 벡터 게놈은 크기가 4.8 kb일 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 대형 단일 가닥 벡터 게놈은 크기가 6.0 kb일 수 있다. 추가로, 상기 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0470] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 조절 폴리뉴클레오타이드를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 벡터 게놈은 대형 이중 가닥 벡터 게놈일 수 있다. 대형 이중 가닥 벡터 게놈은 크기가 2.2 내지 3.0 kb, 예를 들어, 약 크기가 2.2, 2.3, 2.4, 2.5, 2.6, 2.7, 2.8, 2.9, 및 3.0 kb일 수 있다. 비제한적인 예로서, 대형 이중 가닥 벡터 게놈은 크기가 2.4 kb일 수 있다. 추가로, 상기 벡터 게놈은 프로모터 및 폴리A 테일을 포함할 수 있다.

[0471] 바이러스 생산

[0472] 본원의 개시내용은 바이러스 복제 세포를 AAV 폴리뉴클레오타이드 또는 AAV 게놈과 접촉시킴을 포함하는 바이러스 복제 세포 내 바이러스 게놈 복제에 의해 파르보바이러스 입자, 예를 들어, AAV 입자를 생성하기 위한 방법을 제공한다.

[0473] 본원의 개시내용은 하기의 단계를 포함하는 증진된 (증가된, 개선된) 형질도입 효율을 갖는 AAV 입자를 생산하기 위한 방법을 제공한다: 1) 컴피턴트 세균 세포를 bacmid 벡터와 바이러스 벡터 작제물 벡터 및/또는 AAV 페이로드 작제물 벡터 중 하나로 동시 형질감염시키는 단계, 2) 상기 수득한 바이러스 작제물 발현 벡터 및 AAV 페이로드 작제물 발현 벡터를 단리하고 별도로 바이러스 복제 세포를 형질감염시키는 단계, 3) 바이러스 작제물 발현 벡터 또는 AAV 페이로드 작제물 발현 벡터를 포함하는 수득한 페이로드 및 바이러스 작제물 입자를 단리하고 정제하는 단계, 4) 바이러스 복제 세포를, 바이러스 작제물 발현 벡터 또는 AAV 페이로드 작제물 발현 벡터를 포함하는 AAV 페이로드 및 바이러스 작제물 입자 둘 다로 동시 형질감염시키는 단계, 5) 파르보바이러스 게놈을 포함하는 바이러스 입자를 수거하고 정제하는 단계.

[0474] 하나의 구현예에서, 본 발명은 1) 이에 제한되지 않지만 HEK293 세포와 같은 포유동물 세포를 페이로드 영역, rep 및 cap 유전자를 발현하는 작제물 및 헬퍼 작제물로 동시에 동시 형질감염시키는 단계, 2) 바이러스 게놈을 포함하는 AAV 입자를 수거하고 정제하는 단계를 포함하는 AAV 입자를 생산하기 위한 방법을 제공한다.

[0475] *세포*

[0476] 본원의 개시내용은 AAV 폴리뉴클레오타이드 및/또는 AAV 게놈을 포함하는 세포를 제공한다.

[0477] 본원에 기재된 바이러스 생산은 페이로드 작제물, 예를 들어, 페이로드 분자를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 서열을 포함하는 재조합 바이러스 작제물을 전달하기 위해 표적 세포와 접촉시키는, AAV 입자를 생산하기 위한 프로세스 및 방법을 기재한다.

[0478] 하나의 구현예에서, AAV 입자는 곤충 세포를 포함하는 바이러스 복제 세포에서 생산될 수 있다.

[0479] 배양에서 곤충 세포 및 배양에서 곤충 세포 중 이종성 생성물의 생산을 위한 성장 조건은 당업계에 널리 공지되어 있다(*문헌참조: 미국 특허* 제6,204,059호; 이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다).

[0480] 파르보바이러스 복제를 가능하게 하고 배양에서 유지될 수 있는 임의의 곤충 세포는 본 발명에 따라 사용될 수 있다. 세포주는 스포도테라 프루기페르다(*Spodoptera frugiperda*)*로부터 사용될 수 있고* 이는, Sf9 또는 Sf21

세포주, *드로소필라 세포주*, 또는 모기 세포주, 예를 들어, *아에데스 알보픽투스*(*Aedes albopictus*) 유래된 세포주를 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 이종성 단백질의 발현을 위한 곤충세포의 사용은 벡터, 예를 들어, 곤충-세포 상용성 벡터와 같은 핵산을 상기 세포로 도입하는 방법 및 배양 중 상기 세포를 유지하는 방법에서와 같이 널리 보고되어 있다. 예를 들어, 문헌(Methods in Molecular Biology, ed. Richard, Humana Press, NJ (1995); O'Reilly *et al.*, Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, Oxford Univ. Press (1994); Samulski *et al.*, *J. Vir.*63:3822-8 (1989); Kajigaya *et al.*, *Proc. Nat'l. Acad. Sci. USA* 88: 4646-50 (1991); Ruffing *et al.*, J. *Vir.* 66:6922-30 (1992); Kimbauer *et al.*, *Vir.*219:37-44 (1996); Zhao *et al.*, Vir.272:382-93 (2000); and Samulski *et al.*, 미국 특허 제6,204,059호, 이의 각각의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)를 참조한다.

[0481] 바이러스 복제 세포는 원핵 (예를 들어, 세균) 세포, 및 곤충 세포, 효모 세포 및 포유동물 세포를 포함하는 진핵 세포를 포함하는 임의의 생물학적 유기체로부터 선택될 수 있다. 바이러스 복제 세포는 A549, WEH1, 3T3, 10T1/2, BHK, MDCK, COS 1, COS 7, BSC 1, BSC 40, BMT 10, VERO와 같은 포유동물 세포주를 포함할 수 있다. 포유동물로부터 유래된 W138, HeLa, HEK293, Saos, C2C12, L 세포, HT1080, HepG2 및 1차 섬유아세포, 간세포 및 근아세포를 포함할 수 있다. 바이러스 복제 세포는 사람, 몽키, 마우스, 래트, 토끼, 및 햄스터, 또는 섬유아세포, 간세포, 종양 세포, 세포주 형질전환된 세포 등을 포함하지만 이에 제한되지 않는 세포유형을 포함하지만 이에 제한되지 않는 포유동물 종으로부터 유래된 세포를 포함한다.

[0482] *AAV 입자의 소규모 생산*

[0483] 본원에 기재된 바이러스 생산은 페이로드 작제물, 예를 들어, 페이로드를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 서열을 포함하는 재조합 바이러스 작제물을 전달하기 위해 표적 세포와 접촉시키는, AAV 입자를 생산하기 위한 프로세스 및 방법을 기재한다.

[0484] 하나의 구현예에서, AAV 입자는 포유동물 세포를 포함하는 바이러스 복제 세포에서 생산될 수 있다.

[0485] 재조합 AAV 입자의 생산을 위해 통상적으로 사용되는 바이러스 복제 세포는 293 세포, COS 세포, HeLa 세포, KB 세포, 및 미국 특허 제6,156,303호, 제5,387,484호, 제5,741,683호, 제5,691,176호, 및 제5,688,676호; 미국 특허 출원 제2002/0081721호, 및 국제 특허 공개 공보 WO 00/47757, WO 00/24916, 및 WO 96/17947, 이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 바와 같은 다른 포유동물 세포주를 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0486] 하나의 구현예에서, AAV 입자는 모든 3개의 VP 단백질이 1:1:10 (VP1:VP2:VP3)에 근접하는 화학양론으로 발현되는 포유동물-세포에서 생산된다. 발현의 상기 조절된 수준을 가능하게 하는 조절 기전은 차등 스플라이싱에 의해 생산되는, 2개의 mRNA의 생산, VP1에 대한 1개, 및 VP2 및 VP3에 대한 다른 하나를 포함한다.

[0487] 또 다른 구현예에서, AAV 입자는 페이로스 작제물, 파르보바이러스 Rep 및 파르보바이러스 Cap 및 헬퍼 작제물이 3개의 상이한 작제물 내에 포함되어 있는 3중 형질감염 방법을 사용한 포유동물 세포에서 생산된다. AAV 입자 생산의 3개의 성분들의 3중 형질감염 방법을 사용하여 형질도입 효율, 표적 조직 (트로피즘) 평가 및 안전성을 포함하는 검정을 위해 소량의 바이러스를 생산할 수 있다.

[0488] *바큘로바이러스*

[0489] 본원에 기재된 입자 생산은 페이로드를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 서열을 포함하는 페이로드 작제물을 전달하기 위해 표적 세포와 접촉시키는, AAV 입자를 생산하기 위한 프로세스 및 방법을 기재한다.

[0490] 간략하게, 바이러스 작제물 벡터 및 AAV 페이로드 작제물 벡터는 각각 트랜스포존 공여체/수용체 시스템에 의해, 공지되고 당업자에 의해 수행되는 표준 분자 생물학 기술에 의해 바큘로바이러스 플라스미드로서 공지된 bacmid에 혼입된다. 별도의 바이러스 복제 세포 집단의 형질감염은 바이러스 작제물 발현 벡터를 포함하는 하나 및 AAV 페이로드 작제물 발현 벡터를 포함하는 또 다른 하나의 2개의 바큘로바이러스를 생산한다. 2개의 바큘로바이러스를 사용하여 AAV 입자의 생산을 위한 단일 바이러스 복제 세포 집단을 감염시킬 수 있다.

[0491] 스포도프테라 프루기페르다 (Sf9)를 포함하지만 이에 제한되지 않는 곤충 세포에서 바이러스 입자를 생산하기 위한 바큘로바이러스 발현 벡터는 고역가의 바이러스 입자 생성물을 제공한다. 바이러스 작제물 발현 벡터 및 AAV 페이로드 작제물 발현 벡터를 암호화하는 재조합 바큘로바이러스는 바이러스 복제 세포의 생산성 감염을 개시한다. 1차 감염으로부터 방출된 감염성 바큘로바이러스 입자는 배양 중에 추가의 세포를 2차로 감염시키고, 기하급수적으로 초기 감염 다중도의 함수인 다수의 감염 주기에서 전체 세포 배양 집단을 감염시킨다(문헌참조:

Urabe, M. *et al.*, J Virol. 2006 Feb; 80 (4):1874-85, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다).

[0492] 곤충 세포 시스템에서 바쿨로바이러스를 사용한 AAV 입자의 생산은 공지된 바쿨로바이러스 유전학적 및 물리적 불안정성을 해결할 수 있다. 하나의 구현예에서, 상기 생산 시스템은 무역가 감염된-세포 보존 및 스케일-업 시스템을 사용함에 의해 다수의 계대에 대한 바쿨로바이러스 불안정성을 해결한다. 바이러스 생산 세포의 소규모 씨드 배양물은 바이러스 입자의 구조적, 비구조적 성분들을 암호화하는 바이러스 발현 작제물로 형질감염시킨다. 바쿨로바이러스-감염된 바이러스 생산 세포는 액체 질소에 동결보존될 수 있는 분액으로 수거하고; 상기 분액은 대량 바이러스 생산 세포 배양을 위해 생존능 및 감염능을 유지한다(문헌참조: Wasilko DJ *et al.*, Protein Expr Purif. 2009 Jun; 65(2):122-32, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다).

[0493] 유전학적으로 안정한 바쿨로바이러스를 사용하여 무척추동물 세포에서 AAV 입자를 생산하기 위한 하나 이상의 성분들의 공급원을 생산할 수 있다. 하나의 구현예에서, 결손 바쿨로바이러스 발현 벡터는 곤충 세포에서 에피좀성으로 유지될 수 있다. 상기 구현예에서, bacmid 벡터는 프로모터, 인핸서 및/또는 세포-주기 조절된 복제 요소들을 포함하지만 이에 제한되지 않는 복제 조절 요소들을 사용하여 가공된다.

[0494] 하나의 구현예에서, 바쿨로바이러스는 키티나제/카뎁신 유전자좌로 재조합을 위해 (비-) 선택가능한 마커로 가공될 수 있다. chia/v-cath 유전자좌는 조직 배양 중 바쿨로바이러스를 증식시키기 위해 필수적이지 않고 V-cath (EC 3.4.22.50)는 대부분 Arg-Arg 디펩타이드 함유 기질에 대해 활성인 시스테인 엔도프로테아제이다. Arg-Arg 디펩타이드는 덴소바이러스 및 파르보바이러스 캡시드 구조적 단백질에 존재하지만 드물게 데펜도바이러스 VP1에 존재한다.

[0495] 하나의 구현예에서, 바쿨로바이러스 감염을 위해 허용되는 안정한 바이러스 복제 세포는 전체 AAV 게놈, Rep 및 Cap 유전자, Rep 유전자, Cap 유전자, 별도의 전사 카세트로서 각각의 Rep 단백질, 별도의 전사 카세트로서 각각의 VP 단백질, AAP (어셈블리 활성화 단백질), 또는 고유한 또는 비고유한 프로모터를 갖는 바쿨로바이러스 헬퍼 유전자 들 중 적어도 하나를 포함하지만 이에 제한되지 않는 AAV 복제 및 바이러스 입자 생산을 위해 필요한 적어도 하나의 안정한 통합된 카피의 임의의 요소들로 가공된다.

[0496] *대량 생산*

[0497] 일부 구현예에서, AAV 입자 생산은 생산 규모를 증가시키기 위해 변형될 수 있다. 본원의 개시내용에 따른 대규모 바이러스 생산 방법은 하기의 문헌들에 교시된 임의의 것들을 포함할 수 있다: 미국 특허 제5,756,283호, 제6,258,595호, 제6,261,551호, 제6,270,996호, 제6,281,010호, 제6,365,394호, 제6,475,769호, 제6,482,634호, 제6,485,966호, 제6,943,019호, 제6,953,690호, 제7,022,519호, 제7,238,526호, 제7,291,498호 및 제7,491,508호 또는 국제 공개 공보 WO1996039530, WO1998010088, WO1999014354, WO1999015685, WO1999047691, WO2000055342, WO2000075353 및 WO2001023597, 이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다. 바이러스 입자 생산 규모를 증가시키는 방법은 전형적으로 바이러스 복제 세포의 수를 증가시킴을 포함한다. 일부 구현예에서, 바이러스 복제 세포는 접착 세포를 포함한다. 접착 바이러스 복제 세포에 의한 바이러스 입자 생산 규모를 증가시키기 위해, 보다 큰 대형 세포 배양 표면이 요구된다. 일부 경우에, 대규모 생산 방법은 세포 배양 표면을 증가시키기 위해 롤러 병의 사용을 포함한다. 증가된 표면적을 갖는 다른 세포 배양 기질은 당업계에 공지되어 있다. 증가된 표면적을 갖는 추가의 접착 세포 배양 생성물의 예는 CELLSTACK®, CELLCUBE® (Corning Corp., Corning, NY) 및 NNUC™ CELL FACTORY™ (Thermo Scientific, Waltham, Ma.)을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 일부 경우에, 대규모 접착 세포 표면은 약 1,000 cm^2 내지 약 100,000 cm^2를 포함할 수 있다. 일부 경우에, 대규모 접착 세포 배양물은 약 10^7 내지 약 10^9 세포, 약 10^8 내지 약 10^{10} 세포, 약 10^9 내지 약 10^{12} 세포 또는 적어도 10^{12} 세포를 포함할 수 있다. 일부 경우에, 대규모 접착 배양물은 약 10^9 내지 약 10^{12}, 약 10^{10} 내지 약 10^{13}, 약 10^{11} 내지 약 10^{14}, 약 10^{12} 내지 약 10^{15} 또는 적어도 10^{15} 바이러스 입자를 생성할 수 있다.

[0498] 일부 구현예에서, 본원의 개시내용의 대규모 바이러스 생산 방법은 현탁 세포 배양의 용도를 포함할 수 있다. 현탁 세포 배양은 상당히 증가된 수의 세포를 가능하게 한다. 전형적으로, 표면적 약 10-50 cm^2 상에서 성장될 수 있는 접착 세포의 수는 현탁액 중에 약 1 cm^3 용적에서 성장할 수 있다.

[0499] 대규모 배양 포맷의 복제 세포의 형질감염은 당업계에 공지된 임의의 방법에 따라 수행될 수 있다. 대규모 접착 세포 배양을 위해, 형질감염 방법은 무기 화합물(예를 들어, 인산칼슘), 유기 화합물[예를 들어, 폴리에틸렌이민 (PEI)]의 사용, 또는 비-화학적 방법 (예를 들어, 전기 천공)의 사용을 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않

는다. 세포가 현탁액에서 성장하는 형질감염 방법은 인산칼슘의 사용 및 PEI의 사용을 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 일부 경우에, 대규모 현탁 배양물의 형질감염은 하기에 기재된 문헌의 "Transfection Procedure" 표제 부분에 따라 수행될 수 있다(문헌참조: Feng, L. *et al.*, 2008. Biotechnol Appl. Biochem. 50:121-32, 이의 내용은 본원에서 이들의 전문이 참조로 인용된다). 상기 구현예에 따라, PEI-DNA 복합체는 혈질감염될 플라스미드의 도입을 위해 형성될 수 있다. 일부 경우에, PEI-DNA 복합체로 형질감염된 세포는 형질감염 전에 "충격"이 가해질 수 있다. 이것은 세포 배양 온도를 약 1시간 동안 4℃로 저하시킴을 포함한다. 일부 경우에, 세포 배양물은 약 10분 내지 약 5시간 동안 충격 받을 수 있다. 일부 경우에, 세포 배양물은 약 0℃ 내지 약 20℃의 온도에서 충격 받을 수 있다.

[0500] 일부 경우에, 하나 이상의 AAV 페이로드 작제물로부터 핵산의 발현을 감소시키기 위해 RNA 이펙터 분자의 발현용의 하나 이상의 벡터를 포함할 수 있다. 상기 방법은 발현 페이로드 작제물 상에서 쇠약화된 세포 자원을 감소시킴에 의해 바이러스 입자의 생산을 증진시킬 수 있다. 일부 경우에, 상기 방법은 미국 공개 공보 제US2014/0099666호(이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 교시된 것들에 따라 수행될 수 있다.

[0501] *생물반응기*

[0502] 일부 구현예에서, 세포 배양 생물반응기는 대규모 바이러스 생산을 위해 사용될 수 있다. 일부 경우에, 생물반응기는 교반된 탱크 반응기를 포함한다. 상기 반응기는 일반적으로 교반기(예를 들어, 임펠러)와 함께 전형적으로 실리더 형의 용기를 포함한다. 일부 구현예에서, 상기 생물반응기 용기는 물 재킷 내에 위치시켜 용기 온도를 조절하고/하거나 주위 온도 변화로부터 효과를 최소화할 수 있다. 생물반응기 용기 용적은 크기가 약 500 ml 내지 약 2 L, 약 1 L 내지 약 5 L, 약 2.5 L 내지 약 20 L, 약 10 L 내지 약 50 L, 약 25 L 내지 약 100 L, 약 75 L 내지 약 500 L, 약 250 L 내지 약 2,000 L, 약 1,000 L 내지 약 10,000 L, 약 5,000 L 내지 약 50,000 L 또는 적어도 50,000 L의 범위일 수 있다. 용기 바닥은 둥글거나 편평할 수 있다. 일부 경우에, 동물 세포 배양은 둥근 용기 바닥을 갖는 생물반응기에서 유지시킬 수 있다.

[0503] 일부 경우에, 생물반응기 용기는 열순환기의 사용을 통해 가온시킬 수 있다. 열순환기는 물 재킷 주변의 가열된 물을 펌핑한다. 일부 경우에, 가열된 물은 생물반응기 용기 내에 존재하는 파이프(예를 들어, 코일형 파이프)를 통해 펌핑될 수 있다. 일부 경우에, 가온 공기는 생물반응기 주위로 순환될 수 있고, 상기 주위는 배양 배지 바로 위에 공기 공간을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 추가로, pH 및 CO_2 수준은 세포 생존능을 최적화하기 위해 유지될 수 있다.

[0504] 일부 경우에, 생물반응기는 중공-섬유 반응기를 포함할 수 있다. 중공-섬유 생물반응기는 앵커리지 의존성 및 앵커리지 비의존성 세포 둘 다의 배양을 지지할 수 있다. 추가의 생물반응기는 패킹된 베드 또는 고정된-베드 생물반응기를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 상기 생물반응기는 접착 세포 접착을 위해 유리 비드를 갖는 용기를 포함할 수 있다. 추가의 패킹된-베드 반응기는 세라믹 비드를 포함할 수 있다.

[0505] 일부 경우에, 바이러스 입자는 1회용 생물반응기의 사용을 통해 생산된다. 일부 구현예에서, 상기 생물반응기는 WAVE™ 1회용 생물반응기를 포함할 수 있다.

[0506] 일부 구현예에서, 동물 세포 생물반응기 배양에서 AAV 입자 생산은 미국 특허 제5,064764호, 제6,194,191호, 제6,566,118호, 제8,137,948호 또는 미국 특허 제US2011/0229971호(이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 교시된 방법에 따라 수행될 수 있다.

[0507] *세포 용해*

[0508] 바이러스 생산 세포를 포함하지만 이에 제한되지 않는 본 발명의 세포는 당업계에 공지된 임의의 방법에 따른 세포 용해에 적용될 수 있다. 세포 용해는 임의의 본 발명의 세포내에 존재하는 하나 이상의 제제 (예를 들어, 바이러스 입자)를 수득하기 위해 수행될 수 있다. 일부 구현예에서, 세포 용해는 미국 특허 제7,326,555호, 제7,579,181호, 제7,048,920호, 제6,410,300호, 제6,436,394호, 제7,732,129호, 제7,510,875호, 제7,445,930호, 제6,726,907호, 제6,194,191호, 제7,125,706호, 제6,995,006호, 제6,676,935호, 제7,968,333호, 제5,756,283호, 제6,258,595호, 제6,261,551호, 제6,270,996호, 제6,281,010호, 제6,365,394호, 제6,475,769호, 제6,482,634호, 제6,485,966호, 제6,943,019호, 제6,953,690호, 제7,022,519호, 제7,238,526호, 제7,291,498호 및 제7,491,508호 또는 국제 공개공보 WO1996039530, WO1998010088, WO1999014354, WO1999015685, WO1999047691, WO2000055342, WO2000075353 및 WO2001023597(이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 열거된 임의의 방법에 따라 수행될 수 있다. 세포 용해 방법은 화

학적이거나 기계적일 수 있다. 화학적 세포 용해는 전형적으로 하나 이상의 세포를 하나 이상의 용해제와 접촉시킴을 포함한다. 기계적 용해는 전형적으로 하나 이상의 세포를 하나 이상의 용해 조건 및/또는 하나 이상의 용해력에 적용함을 포함한다.

[0509] 일부 구현예에서, 화학적 용해는 세포를 용해시키기 위해 사용될 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은 용어"용해제"는 세포의 분쇄를 도와줄 수 있는 임의의 제제를 언급한다. 일부 경우에, 용해제는 용해 용액 또는 용해 완충액으로 호칭되는 용액 중에 도입된다. 본원에 사용된 바와 같은 용어 "용해 용액"은 하나 이상의 용해제를 포함하는 용액 (전형적으로 수성)을 언급한다. 용해제에 추가로, 용해 용액은 하나 이상의 완충제, 가용화제, 계면활성제, 방부제, 동결보호제, 효소, 효소 저해제 및/또는 킬레이터를 포함할 수 있다. 용해 완충액은 하나 이상의 완충제를 포함하는 용해 용액이다. 용해 용액의 추가의 성분은 하나 이상의 가용화제를 포함할 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은 용어 "가용화제"는 용액의 하나 이상의 성분의 용해도 및/또는 용액이 적용되는 하나 이상의 실체의 용해도를 증진시키는 화합물을 언급한다. 일부 경우에, 가용화제는 단백질 용해도를 증진시킨다. 일부 경우에, 가용화제는 단백질 형태 및/또는 활성을 유지하면서 단백질 용해도를 증진시키는 이들의 능력을 기준으로 선택된다.

[0510] 예시적 용해제는 미국 특허 제8,685,734호, 제7,901,921호, 제7,732,129호, 제7,223,585호, 제7,125,706호, 제8,236,495호, 제8,110,351호, 제7,419,956호, 제7,300,797호, 제6,699,706호 및 제6,143,567호(이들 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 임의의 것들을 포함할 수 있다. 일부 경우에, 용해제는 용해 염, 양친매성 제제, 양이온 제제, 이온 세제 및 비-이온 세제로부터 선택될 수 있다. 용해 염은 염화나트륨 (NaCl) 및 염화칼륨 (KCl)을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 추가로 용해 염은 미국 특허 제8,614,101호, 제7,326,555호, 제7,579,181호, 제7,048,920호, 제6,410,300호, 제6,436,394호, 제7,732,129호, 제7,510,875호, 제7,445,930호, 제6,726,907호, 제6,194,191호, 제7,125,706호, 제6,995,006호, 제6,676,935호 및 제7,968,333호 (이들 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 임의의 것들을 포함할 수 있다. 염의 농도는 세포 막의 붕괴를 위한 유효 농도를 수득하기 위해 증가되거나 감소될 수 있다. 본원에 언급된 바와 같은 양친매성 제제는 산 또는 염기로 반응할 수 있는 화합물이다. 양친매성 제제는 리소포스파티딜콜린, 3-((3-콜라미도프로필) 디메틸암모늄)-1-프로판설포네이트 (CHAPS), ZWITTERAGENT® 등을 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 양이온성 제제는 세틸트리메틸암모늄 브로마이드 (C (16) TAB) 및 벤즈알코늄 클로라이드를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 세제를 포함하는 용해제는 이온 세제 또는 비-이온 세제를 포함할 수 있다. 세제는 세포막, 세포벽, 지질, 탄수화물, 지단백질 및 당단백질을 포함하지만 이에 제한되지 않는 세포 구조물을 분해하거나 용해시키는 작용을 할 수 있다. 예시적 이온성 세제는 미국 특허 제7,625,570호 및 제6,593,123호 또는 미국 공개 공보 US2014/0087361 (이들의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 교시된 임의의 것들을 포함한다. 일부 이온성 세제는 나트륨 도데실 설페이트 (SDS), 콜레이트 및 데옥시콜레이트를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 일부 경우에, 이온성 세제는 용해액에 용해제로서 포함될 수 있다. 비이온성 세제는 옥틸글루코사이드, 디기토닌, 루브롤, C12E8, TWEEN®-20, TWEEN®-80, Triton X-100 및 Noniodet P-40을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 비이온성 세제는 전형적으로 보다 약한 용해제이지만 세포 및/또는 바이러스 단백질을 용해시키기 위한 용해제로서 포함될 수 있다. 추가로 용해제는 효소 및 우레아를 포함할 수 있다. 일부 경우에, 하나 이상의 용해제는 용해액 중에 조합되어 세포 용해 및 단백질 용해 중 하나 이상을 증진시킬 수 있다. 일부 경우에, 효소 저해제는 용해 용액 중에 포함되어 세포막 붕괴에 의해 유발될 수 있는 단백질용해를 막을 수 있다.

[0511] 일부 구현예에서, 기계적 세포 용해가 수행된다. 미계적 세포 용해 방법은 하나 이상의 용해 조건 및/또는 하나 이상의 용해력의 사용을 포함할 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은 용어 "용해 조건"은 세포 붕괴를 촉진시키는 상태 또는 환경을 언급한다. 용해 조건은 특정 온도, 압력, 삽투압 순도, 염도 등을 포함할 수 있다. 일부 경우에, 용해 조건은 증가되거나 감소된 온도를 포함한다. 일부 구현예에 따라, 용해 조건은 세포 붕괴를 촉진시키기 위한 온도의 변화를 포함한다. 상기 구현예에 따라 수행된 세포 용해는 동결-해독 용해를 포함할 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은 용어 "동결-해동 용해"는 세포 용액이 하나 이상의 동결-해동 주기에 적용되는 세포 용해를 언급한다. 동결-해동 용해 방법에 따라, 용액 중 세포는 얼음 결정의 형성 및 확장에 의해 유발되는 세포막의 기계적 붕괴를 유도하기 위해 동결시킨다. 동결-해동 용해 방법에 따라 사용되는 세포 용액은 추가로 하나 이상의 용해제, 가용화제, 완충제, 동결보호제, 계면활성제, 방부제, 효소, 효소 저해제 및/또는 킬레이터를 포함할 수 있다. 일단 동결에 적용된 세포 용액이 해동되면, 상기 성분들은 목적하는 세포 생성물의 회수를 증진시킬 수 있다. 일부 경우에, 하나 이상의 냉동보호제는 동결-해동 용해를 진행하는 세포 용액 중에 포함된다. 본원에 사용된 바와 같은 용어 "동결보호제"는 동결로 인한 손상으로부터 하나 이상의 물질을 보호하기 위해 사용되는 제제를 언급한다. 동결보호제는 미국 공개 공보 US2013/0323302 또는 미국 특허 제6,503,888호, 제

6,180,613호, 제7,888,096호, 제7,091,030호 (이들의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 교시된 임의의 것들을 포함할 수 있다. 일부 경우에, 동결보호제는 디메틸 설폭사이드, 1,2-프로판디올, 2,3-부탄디올, 포름아미드, 글리세롤, 에틸렌 글리콜, 1,3-프로판디올 및 n-디메틸 포름아미드, 폴리비닐피롤리돈, 하이드록시에틸 전분, 아가로스, 덱스트란, 이노시톨, 글루코스, 하이드록시에틸전분, 락토스, 소르비톨, 메틸 글루코스, 슈크로스 및 우레아를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 일부 경우에, 동결-해동 용해는 미국 특허 제7,704,721호(이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 임의의 방법에 따라 수행될 수 있다.

[0512] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "용해력"은 세포 붕괴시키기 위해 사용되는 물리적 활성을 언급한다. 용해력은 기계적 힘, 음파 힘, 중력 힘, 광학적 힘, 전기력 등을 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 기계적 힘에 의해 수행되는 세포 용해는 본원에서 "기계적 용해"로서 언급된다. 기계적 용해에 따라 사용될 수 있는 기계적 힘은 고전단 유체 힘을 포함할 수 있다. 기계적 용해의 상기 방법에 따라 미세유동화기가 사용될 수 있다. 미세유동화기는 전형적으로 세포 용액이 적용될 수 있는 주입 저장소를 포함한다. 세포 용액은 이어서 펌프를 통해 전단 유체 힘을 생성하기 위한 속도 및/또는 압력으로 펌프 (예를 들어, 고압 펌프)를 통한 상호작용 챔버에 펌핑될 수 있다. 수득한 용해물은 이어서 하나 이상의 배출 저장소에서 수거될 수 있다. 펌프 속도 및/또는 압력은 세포 용해를 조절하고 생성물(예를 들어, 바이러스 입자)의 회수를 증진시키기 위해 조정될 수 있다. 다른 기계적 용해 방법은 스크레이핑에 의한 세포의 물리적 붕괴를 포함할 수 있다.

[0513] 세포 용해 방법은 용해될 세포의 세포 배양 포맷을 기준으로 선택될 수 있다. 예를 들어, 접착 세포 배양물을 사용하는 일부 화학적 및 기계적 용해 방법이 사용될 수 있다. 상기 기계적 용해 방법은 동결-해동 용해 또는 스크레이핑을 포함할 수 있다. 또 다른 예에서, 접착 세포 배양물의 화학적 용해는 Triton-X-100과 같은 계면활성제를 포함하는 용해액을 사용한 항온처리를 통해 수행될 수 있다. 일부 경우에, 접착 세포 배양물로부터 생성된 세포 용해물은 하나 이상의 뉴클레아제로 처리하여 유리된 DNA에 의해 유발되는 용해물의 점도를 저하시킬 수 있다.

[0514] 하나의 구현예에서, 용해 없이 AAV 입자를 수거하기 위한 방법은 효율적이고 확장가능한 AAV 입자 생성을 위해 사용될 수 있다. 비제한적인 예에서, AAV 입자는 미국 특허원 제20090275107호 (이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 바와 같이, 헤파린 결합 부위가 없는 AAV 입자를 배양함으로써 세포 배양물에서 상기 AAV 입자가 상등액으로 통과하도록 하고 상기 배양물로부터 상등액을 수거하고, 상기 AAV 입자를 상기 상등액으로부터 단리시킴에 의해 생성될 수 있다.

[0515] *세정*

[0516] 바이러스 입자를 포함하는 세포 용해물은 세정에 적용될 수 있다. 세정은 세포 용해물로부터 바이러스 입자의 정제에서 취해지는 초기 단계를 언급한다. 세정은 대형의 불용성 조각들을 제거함에 의해 추가의 정제를 위한 용해물을 제조하는 작용을 한다. 세정 단계는 원심분리 및 여과를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 세정 동안에, 원심분리는 저속으로 수행하여 보다 큰 조각들만을 제거할 수 있다. 유사하게, 여과는 보다 큰 공극 크기를 갖는 여과기를 사용하여 수행되어 단지 보다 큰 조각들이 제거되도록 할 수 있다. 일부 경우에, 접선 유동 여과가 세정 동안에 사용될 수 있다. 바이러스 세정의 목적은 세포 용해물의 고속처리 프로세싱 및 공극적인 바이러스 회수를 최적화하기 위한 것이다. 세정 단계를 포함하는 이점은 보다 큰 용적의 용해물의 프로세싱을 위한 확장 가능성을 포함한다. 일부 구현예에서, 세정은 미국 특허 제8,524,446호, 제5,756,283호, 제6,258,595호, 제6,261,551호, 제6,270,996호, 제6,281,010호, 제6,365,394호, 제6,475,769호, 제6,482,634호, 제6,485,966호, 제6,943,019호, 제6,953,690호, 제7,022,519호, 제7,238,526호, 제7,291,498호, 제7,491,508호, 미국 공개 공보 US2013/0045186, US2011/0263027, US2011/0151434, US2003/0138772, 및 국제 공개 공보 WO2002012455, WO1996039530, WO1998010088, WO1999014354, WO1999015685, WO1999047691, WO2000055342, WO2000075353 및 WO2001023597 (이들 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 임의의 방법에 따라 수행될 수 있다.

[0517] 여과에 의한 세포 용해물 세정 방법은 당업계에서 널리 이해되고 있고 수동 여과 및 유동 여과를 포함하지만 이에 제한되지 않는 다양하게 가용한 방법에 따라 수행될 수 있다. 사용되는 여과기는 다양한 물질 및 공극 크기를 포함할 수 있다. 예를 들어, 세포 용해물 여과기는 약 1 μM 내지 약 5 μM, 약 0.5 μM 내지 약 2 μM, 약 0.1 μM 내지 약 1 μM, 약 0.05 μM 내지 약 0.05 μM 및 약 0.001 μM 내지 약 0.1 μM의 공극 크기를 포함할 수 있다. 세포 용해물 여과기에 대한 예시적 공극 크기는 2.0, 1.9, 1.8, 1.7, 1.6, 1.5, 1.4, 1.3, 1.2, 1.1, 1, 0.9, 0.8, 0.7, 0.6, 0.5, 0.4, 0.3, 0.2, 0.1, 0.95, 0.9, 0.85, 0.8, 0.75, 0.7, 0.65, 0.6, 0.55,

0.5, 0.45, 0.4, 0.35, 0.3, 0.25, 0.2, 0.15, 0.1, 0.05, 0.22, 0.21, 0.20, 0.19, 0.18, 0.17, 0.16, 0.15, 0.14, 0.13, 0.12, 0.11, 0.1, 0.09, 0.08, 0.07, 0.06, 0.05, 0.04, 0.03, 0.02, 0.01, 0.02, 0.019, 0.018, 0.017, 0.016, 0.015, 0.014, 0.013, 0.012, 0.011, 0.01, 0.009, 0.008, 0.007, 0.006, 0.005, 0.004, 0.003, 0.002, 0.001 및 0.001 μM을 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 하나의 구현예에서, 세정은 2.0 μM 공극 크기를 갖는 여과기를 통한 여과를 포함하여 큰 조각을 제거함에 이어서 0.45 μM 공극 크기를 갖는 여과기를 통해 통과시켜 온전한 세포를 제거할 수 있다.

[0518] 여과기 물질은 다양한 물질로 구성될 수 있다. 상기 물질은 중합체 물질 및 금속 물질 (예를 들어, 소결된 금속 및 다공성 알루미늄)을 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 예시적 물질은 나일론, 셀룰로스 물질 (예를 들어, 셀룰로스 아세테이트), 폴리비닐리덴 플루오라이드 (PVDF), 폴리에테르설폰, 폴리아미드, 폴리설폰, 폴리프로필렌, 및 폴리에틸렌 테레프탈레이트를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 일부 경우에, 세포 용해물의 세정을 위해 유용한 여과기는 ULTIPLEAT PROFILE™ 여과기(Pall Corporation, Port Washington, NY), SUPOR™ 막 여과기(Pall Corporation, Port Washington, Ny)를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[0519] 일부 경우에, 유동 여과는 여과 속도 및/또는 효과를 증가시키기 위해 수행될 수 있다. 일부 경우에, 유동 여과는 진공 여과를 포함할 수 있다. 상기 방법에 따라, 진공은 여과될 세포 용해물의 것과 반대편의 여과의 측면상에 생성된다. 일부 경우에, 세포 용해물은 원심분리 힘에 의해 여과기를 통과할 수 있다. 일부 경우에, 펌프를 사용하여 세포 용해물이 세정 여과기를 통과하도록 한다. 하나 이상의 여과기를 통과하는 세포 용해물의 유속은 채널 크기 및/또는 유압 중 하나를 조정함에 의해 조절될 수 있다.

[0520] 일부 구현예에 따라, 세포 용해물은 원심분리에 의해 세정될 수 있다. 세정은 용해물 중 불용성 입자를 펠렛화하기 위해 사용될 수 있다. 세정 동안에, 원심분리 강도 [다수의 표준 중력 힘을 나타내는 중력 단위 (g)로 표현됨]는 후속적 정제 단계에서 보다 미만일 수 있다. 일부 경우에, 원심분리는 세포 용해물에 대해 약 200 g 내지 약 800 g, 약 500 g 내지 약 1500 g, 약 1000 g 내지 약 5000 g, 약 1200 g 내지 약 10000 g 또는 약 8000 g 내지 약 15000 g으로 수행될 수 있다. 일부 구현예에서, 세포 용해물 원심분리는 15분 동안 8000 g에서 수행된다. 일부 경우에, 밀도 구배 원심분리는 침강율에 의해 세포 용해물 중 입자를 분할하기 위해 수행될 수 있다. 본 발명의 방법에 따라 사용되는 농도 구배는 염화세슘 농도 구배 및 이오딕사놀 단계 농도 구배를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[0521] *정제: 크로마토그래피*

[0522] 일부 경우에, AAV 입자는 하나 이상의 크로마토그래피 방법에 의해 세정된 세포 용해물로부터 정제될 수 있다. 크로마토그래피는 혼합물로부터 하나 이상의 효소를 분리 제거하기 위한 당업계에 공지된 임의의 수의 방법을 언급한다. 각각의 방법은 이온 교환 크로마토그래피(예를 들어, 양이온 교환 크로마토그래피 및 음이온 교환 크로마토그래피), 면역친화성 크로마토그래피 및 크기-배제 크로마토그래피를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 일부 구현예에서, 바이러스 크로마토그래피의 방법은 하기의 문헌들에 교시된 임의의 것들을 포함할 수 있다: 미국 특허 제5,756,283호, 제6,258,595호, 제6,261,551호, 제6,270,996호, 제6,281,010호, 제6,365,394호, 제6,475,769호, 제6,482,634호, 제6,485,966호, 제6,943,019호, 제6,953,690호, 제7,022,519호, 제7,238,526호, 제7,291,498호 및 제7,491,508호 또는 국제 공개 공보 WO1996039530, WO1998010088, WO1999014354, WO1999015685, WO1999047691, WO2000055342, WO2000075353 및 WO2001023597, 이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다.

[0523] 일부 구현예에서, 이온 교환 크로마토그래피는 바이러스 입자를 단리하기 위해 사용될 수 있다. 이온 교환 크로마토그래피를 사용하여 캡시드 단백질과 고정 상, 전형적으로 이를 통해바이러스 제제(예를 들어, 세정된 용해물)가 통과되는 칼럼에 존재하는 하전된 부위 간의 전하-전하 상호작용을 기준으로 하여 바이러스 입자에 결합시킨다. 바이러스 제제의 적용 후, 결합된 바이러스 입자는 이어서 전하-전하 상호작용을 붕괴시키기 위해 용출액을 적용함에 의해 용출될 수 있다. 용출액은 결합된 바이러스 입자의 회수를 증진시키기 위해 염 농도 및/또는 pH를 조정함에 의해 최적화될 수 있다. 단리되는 바이러스 캡시드의 전하에 따라, 양이온 또는 음이온 교환 크로마토그래피 방법이 선택될 수 있다. 이온 교환 크로마토그래피의 방법은 미국 특허 제7,419,817호, 제6,143,548호, 제7,094,604호, 제6,593,123호, 제7,015,026호 및 제8,137,948호 (이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 교시된 임의의 것들을 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[0524] 일부 구현예에서, 면역친화성 크로마토그래피가 사용될 수 있다. 면역친화성 크로마토그래피는 바이러스 입자를 보유하기 위해 하나 이상의 면역 화합물 (예를 들어, 항체 또는 항체-관련 구조물)을 사용하는 크로마토그래피 형태이다. 면역 화합물은 하나 이상의 바이러스 코트 단백질을 포함하지만 이에 제한되지 않는 바이러스 입자

표면 상의 하나 이상의 구조물에 특이적으로 결합할 수 있다. 일부 경우에, 면역 화합물은 특정 바이러스 변이체에 대해 특이적일 수 있다. 일부 경우에, 면역 화합물은 다수의 바이러스 변이체에 결합할 수 있다. 일부 구현예에서, 면역 화합물은 재조합 단일쇄 항체를 포함할 수 있다. 상기 재조합 단일쇄 항체는 문헌[참조: Smith, R.H. *et al.*, 2009. Mol. Ther. 17(11):1888-96, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용됨]에 기재된 것들을 포함할 수 있다. 상기 면역 화합물은 AAV1, AAV2, AAV6 및 AAV8을 포함하지만 이에 제한되지 않는 여러 AAV 캡시드 변이체에 결합할 수 있다.

[0525] 일부 구현예에서, 크기-배제 크로마토그래피 (SEC)가 사용될 수 있다. SEC는 크기에 따라 입자를 분리하기 위한 겔의 사용을 포함할 수 있다. 바이러스 입자 정제에서, SEC 여과는 때로는 "폴리싱"으로서 언급된다. 일부 경우에, SEC는 거의 균일한 최종 생성물을 생성하기 위해 수행될 수 있다. 상기 최종 생성물은 일부 경우에 임상전 연구 및/또는 임상 연구에 사용될 수 있다(Kotin, R.M. 2011. Human Molecular Genetics. 20(1):R2-R6, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로서 인용된다). 일부 경우에, SEC는 미국 특허 제6,143,548호, 제7,015,026호, 제8,476,418호, 제6,410,300호, 제8,476,418호, 제7,419,817호, 제7,094,604호, 제6,593,123호, 및 제8,137,948호(이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로서 인용된다)에 교시된 임의의 방법에 따라 수행될 수 있다.

[0526] 하나의 구현예에서, 적어도 하나의 AAV 입자를 포함하는 조성물은 미국 특허 제6146874호 (이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 기재된 방법을 사용하여 단리되거나 정제될 수 있다.

[0527] 하나의 구현예에서, 적어도 하나의 AAV 입자를 포함하는 조성물은 미국 특허 제6660514호 (이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 기재된 방법을 사용하여 단리되거나 정제될 수 있다.

[0528] 하나의 구현예에서, 적어도 하나의 AAV 입자를 포함하는 조성물은 미국 특허 제8283151호 (이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 기재된 방법을 사용하여 단리되거나 정제될 수 있다.

[0529] 하나의 구현예에서, 적어도 하나의 AAV 입자를 포함하는 조성물은 미국 특허 제8524446호 (이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 기재된 방법을 사용하여 단리되거나 정제될 수 있다.

[0530] **II. 제형 및 전달**

[0531] 약제학적 조성물 및 제형

[0532] 약제학적 조성물(벡터, 예를 들어, siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터)에 추가로, 본원에서는 사람에게 투여하기에 적합한 약제학적 조성물이 제공되고, 상기 조성물은 일반적으로 임의의 다른 동물에게, 예를 들어, 비-사람 동물에게, 예를 들어, 비-사람 포유동물에게 투여하기에 적합한 것으로 당업자에 의해 이해될 것이다. 조성물이 다양한 동물에게 투여하기에 적합한 것으로 하기 위해 사람에게 투여하기에 적합한 약제학적 조성물의 변형은 널리 이해되고 있고 당업계 수의 약리학자는 경우에 따라 단순히 통상적인 실험과 함께 상기 변형을 디자인하고/하거나 수행할 수 있다. 약제학적 조성물의 투여가 고려되는 대상체는 사람 및/또는 다른 영장류; 소, 돼지, 말, 양, 고양이, 개, 마우스 및/또는 래트와 같은 시판되는 관련 포유동물을 포함하는 포유동물; 및/또는 가금류, 닭, 오리, 거위 및/또는 터키와 같은 시판되는 새를 포함하는 새를 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0533] 일부 구현예에서, 조성물은 사람, 사람 환자 또는 대상체에게 투여된다. 본원의 개시내용의 목적을 위해, 용어 "활성 성분"은 일반적으로 합성 siRNA 듀플렉스, 벡터, 예를 들어, siRNA 듀플렉스를 암호화하는 AAV 벡터를 언급하거나, 본원에 기재된 바와 같은 벡터에 의해 전달되는 siRNA 분자를 언급한다.

[0534] 본원에 기재된 약제학적 조성물의 제형은 약리학 분야에서 공지된 임의의 방법 또는 이후 개발되는 임의의 방법에 의해 제조될 수 있다. 일반적으로, 상기 제조 방법은 활성 성분을 부형제 및/또는 하나 이상의 다른 보조 성분과 화합하도록 하는 단계 및 이어서 필요하고/하거나 요구되는 경우, 생성물을 목적하는 단일 또는 다중-용량 유닛으로 분할하고. 성형하고/하거나 패키징하는 단계를 포함한다.

[0535] 본 발명에 따른 약제학적 조성물 중에 활성 성분, 약제학적으로 허용되는 부형제 및/또는 임의의 추가의 부형제의 상대적 양은 치료받는 대상체의 정체성, 크기 및/또는 병태에 의존하여 그리고 추가로 조성물이 투여되어야만 하는 경로에 의존하여 다양하다.

[0536] 상기 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산을 포함하는 AAV 벡터는 하기를 위해 하나 이상의 부형제를 사용하여 제형화될 수 있다: (1) 안정성을 증가시키기 위해; (2) 세포 형질감염 또는 형질도입을 증가시키기 위해; (3) 지속적 또는 지연된 반응을 허용하기 위해; 또는 (4) 생분포를 변화시키기 위해(예를 들

어, 바이러스 벡터를 뇌 및 신경세포와 같은 특이적 조직 또는 세포 유형에 표적화시키기 위해).

[0537] 본 발명의 제형은 제한 없이 식염수, 리피도이드, 리포좀, 지질 나노입자, 중합체, 지질복합체, 코어-쉘 나노입자, 펩타이드, 단백질, 바이러스 벡터로 형질감염된 세포 (예를 들어, 대상체로의 이식을 위해), 나노입자 모방체 및 이들의 조합을 포함할 수 있다. 추가로, 본 발명의 바이러스 벡터는 자가-어셈블리된 핵산 나노입자를 사용하여 제형화될 수 있다.

[0538] 본원에 기재된 약제학적 조성물의 제형은 약리학 분야에서 공지된 임의의 방법 또는 이후 개발되는 임의의 방법에 의해 제조될 수 있다. 일반적으로, 상기 제조 방법은 활성 성분을 부형제 및/또는 하나 이상의 보조 성분과 화합하는 단계를 포함한다.

[0539] 본원의 개시내용에 따른 약제학적 조성물이 단일 유닛 용량으로서 및/또는 다수의 단일 유닛 용량으로서 벌크로 제조되고, 패키징되고/되거나 시판될 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은, "유닛 용량"은 소정량의 활성 성분을 포함하는 약제학적 조성물의 구분된 양을 언급한다. 활성 성분의 양은 일반적으로 대상체에게 투여되는 활성 성분의 용량 및/또는 상기 용량의 간편한 분획, 예를 들어, 상기 용량의 2분의 1 또는 3분의 1과 동일하다.

[0540] 본원의 개시내용에 따른 약제학적 조성물 중에 활성 성분, 약제학적으로 허용되는 부형제 및/또는 임의의 추가의 부형제의 상대적 양은 치료받는 대상체의 정체성, 크기 및/또는 병태에 의존하여 그리고 추가로 조성물이 투여되어야만 하는 경로에 의존하여 다양할 수 있다. 예를 들어, 상기 조성물은 0.1% 내지 99% (w/w)의 활성 성분을 포함할 수 있다. 예를 들어, 상기 조성물은 0.1% 내지 100%, 예를 들어, 0.5 내지 50%, 1 내지 30%, 5 내지 80%, 적어도 80% (w/w)의 활성 성분을 포함할 수 있다.

[0541] 일부 구현예에서, 약제학적으로 허용되는 부형제는 적어도 95%, 적어도 96%, 적어도 97%, 적어도 98%, 적어도 99%, 또는 100% 순수한 것일 수 있다. 일부 구현예에서, 부형제는 사람용으로 및 수의용으로 승인된다. 일부 구현예에서, 부형제는 미국 식품안정청에 의해 승인될 수 있다. 일부 구현예에서, 부형제는 약제학적 등급일 수 있다. 일부 구현예에서, 부형제는 미국 약전 (USP), 유럽 약전 (EP), 영국 약전 및/또는 국제 약전의 표준요건을 충족할 수 있다.

[0542] 본원에 사용된 바와 같은 부형제는 임의의 및 모든 용매, 분산 매질, 희석제, 또는 다른 액체 비히클, 분산 또는 현탁 보조제, 표면 활성제, 등장성 제제, 증점제 또는 유화제, 방부제 등의 특정의 목적하는 투여 형태에 적합하게 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 약제학적 조성물을 제형화하기 위한 다양한 부형제 및 상기 조성물을 제조하기 위한 기술은 당업계에 공지되어 있다(문헌참조: Remington: The Science and Practice of Pharmacy, 21st Edition, A. R. Gennaro, Lippincott, Williams & Wilkins, Baltimore, MD, 2006; 이는 본원에 이의 전문이 참조로 인용된다). 통상적인 부형제 배지의 사용은 본원의 개시내용의 범위내에 고려되지만 예를 들어, 임의의 바람직할 수 없는 생물학적 효과를 생성하거나 다르게는 약제학적 조성물의 다른 성분(들)과 해로운 방식으로 상호작용함에 의해 물질 또는 이의 유도체와 상용할 수 없는 임의의 통상적인 부형제 배지는 제외한다.

[0543] 예시적 희석제는 탄산칼슘, 탄산나트륨, 인산칼슘, 인산이칼슘, 황산칼슘, 인산수소칼슘, 인산나트륨 락토스, 슈크로스, 셀룰로스, 미세결정 셀룰로스, 카올린, 만니톨, 소르비톨, 이노시톨, 염화나트륨, 무수 전분, 옥수수 전분, 분말 당, 등 및/또는 이들의 조합물을 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0544] 일부 구현예에서, 상기 제형은 적어도 하나의 불활성 성분을 포함할 수 있다. 본원에 사용된 바와같은 용어 "불활성 성분"은 제형에 포함되는 하나 이상의 불활성 제제를 언급한다. 일부 구현예에서, 본 발명의 제형에 사용될수 있는 불활성 성분 모두 또는 일부는 미국 식품의약국(FDA)에 의해 승인될 수 있거나 어떠한 것도 승인되지 않을 수 있다.

[0545] 본 발명의 siRNA 분자에 대한 핵산 서열을 포함하는 벡터의 제형은 양이온 또는 음이온을 포함할 수 있다. 하나의 구현예에서, 상기 제형은 Zn2+, Ca2+, Cu2+, Mg+ 및 이들의 조합물과 같은 금속 양이온을 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0546] 본원에 사용된 바와 같은 "약제학적으로 허용되는 염"은 모 화합물이 기존의 산 또는 염기 모이어티를 이의 염 형태로 전환시킴에 의해 (예를 들어, 유리 염기 그룹을 적합한 유기산과 반응시킴에 의해) 변형된 기재된 화합물의 유도체를 언급한다. 약제학적으로 허용되는 염의 예는 아민과 같은 염기성 잔기의 무기물 또는 유기산염; 카복실산과 같은 산성 잔기의 알칼리 또는 유기염 등을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 대표적인 산 부가염은 아세테이트, 아세트산, 아디페이트, 알기네이트, 아스코르베이트, 아스파르테이트, 벤젠설포네이트, 벤젠 설폰산, 벤조에이트, 바이설페이트, 보레이트, 부티레이트, 캄포레이트, 캄포르설포네이트, 시트레이트, 사이클로

펜탄프로피오네이트, 디글루코네이트, 도데실설페이트, 에탄설포네이트, 푸마레이트, 글루코헵토네이트, 글리세로포스페이트, 헤미설페이트, 헵토네이트, 헥사노에이트, 하이드로브로마이드, 하이드로클로라이드, 하이드로요오다이드, 2-하이드록시-에탄설포네이트, 락토비오네이트, 락테이트, 라우레이트, 라우릴 설페이트, 말레이트, 말레에이트, 말로네이트, 메탄설포네이트, 2-나프탈렌설포네이트, 니코티네이트, 니트레이트, 올레에이트, 옥살레이트, 팔미테이트, 파모에이트, 펙티네이트, 퍼설페이트, 3-페닐프로피오네이트, 포스페이트, 피크레이트, 피발레이트, 프로피오네이트, 스테아레이트, 숙시네이트, 설페이트, 트라트레이트, 티오시아네이트, 톨루엔설포네이트, 운데카노에이트, 발레레이트 염 등을 포함한다. 대표적인 알칼리 또는 알칼린 토금속 염은 나트륨, 리튬, 칼륨, 칼슘, 마그네슘, 등 및 비독성 암모늄, 4급 암모늄, 및 암모늄, 테트라메틸암모늄, 테트라에틸암모늄, 메틸아민, 디메틸아민, 트리메틸아민, 트리에틸아민, 에틸아민 등을 포함하지만 이에 제한되지 않는 아민 양이온을 포함한다. 본원의 개시내용의 약제학적으로 허용되는 염은 예를 들어, 비독성 무기산 또는 유기산으로부터 형성된 모 화합물의 통상적인 비-독성 염을 포함한다. 본원의 개시내용의 약제학적으로 허용되는 염은 통상적인 화학적 방법에 의해 염기성 또는 산성 모이어티를 함유하는 모 화합물로서 합성될 수 있다. 일반적으로, 상기 염은 이들 화합물의 유리산 또는 염기 형태를 물 또는 유기 용매, 또는 2개의 혼합물에서 화학양론적 양의 적당한 염기 또는 산과 반응시켜 제조될 수 있고; 일반적으로, 에테르, 에틸 아세테이트, 에탄올, 이소프로판올 또는 아세토니트릴과 같은 비수성 매질이 바람직하다. 적합한 염의 목록은 문헌(참조: *Remington's Pharmaceutical Sciences*, 17th ed., Mack Publishing Company, Easton, Pa., 1985, p. 1418, *Pharmaceutical Salts: Properties, Selection, and Use*, P.H. Stahl and C.G. Wermuth (eds.), Wiley-VCH, 2008, and Berge et al., *Journal of Pharmaceutical Science*, 66, 1-19 (1977); 이의 각각의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에서 발견된다.

[0547] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "약제학적으로 허용되는 용매화물"은 적합한 용매의 분자가 결정 격자에 혼입된 본 발명의 화합물을 의미한다. 적합한 용매는 투여되는 용량에서 생리학적으로 관용성이다. 예를 들어, 용매화물은 결정화, 재결정화 또는 유기 용매, 물 또는 이의 혼합물을 포함하는 용액으로부터의 침전에 의해 제조될 수 있다. 적합한 용매의 예는 에탄올, 물(예를 들어, 모노-, 디-, 및 트리-수화물), *N*-메틸피롤리디논(NMP), 디메틸 설폭사이드(DMSO), *N,N'*-디메틸포름아미드(DMF), *N,N'*-디메틸아세트아미드(DMAC), 1,3-디메틸-2-이미다졸리디논(DMEU), 1,3-디메틸-3,4,5,6-테트라하이드로-2-(1H)-피리미디논(DMPU), 아세토니트릴(ACN), 프로필렌 글리콜, 에틸 아세테이트, 벤질 알콜, 2-피롤리돈, 벤질 벤조에이트 등이다. 물이 용매인 경우, 용매화물은 "수화물"로서 언급된다.

[0548] 본 발명에 따라, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자에 대한 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 CNS 전달을 위해 제형화될 수 있다. 뇌혈 장벽(BBB)을 통과하는 제제가 사용될 수 있다. 예를 들어, siRNA 분자를 BBB 내피에 표적화할 수 있는 일부 세포-침투 펩타이드를 사용하여 HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 듀플렉스를 제형화할 수 있다.

[0549] *불활성 성분*

[0550] 일부 구현예에서, 제형은 불활성 성분인 적어도 하나의 부형제를 포함할 수 있다. 본원에 사용된 바와같은 용어 "불활성 성분"은 제형에 포함되는 하나 이상의 불활성 제제를 언급한다. 일부 구현예에서, 본원의 개시내용의 제형에 사용될 수 있는 불활성 성분 모두 또는 일부는 미국 식품의약국(FDA)에 의해 승인될 수 있거나 어떠한 것도 승인되지 않을 수 있다.

[0551] 본원에 기재된 AAV 입자 및 바이러스 벡터 함유 조성물의 제형은 양이온 또는 음이온을 포함할 수 있다. 하나의 구현예에서, 상기 제형은 Zn2+, Ca2+, Cu2+, Mg+ 및 이들의 조합물과 같은 금속 양이온을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 비제한적인 예로서, 제형은 금속 양이온과 착물을 형성하는 본원에 기재된 중합체 및 조성물을 포함할 수 있다(문헌참조: 예를 들어, 미국 특허 제6,265,389호 및 제6,555,525호, 이의 각각은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다).

[0552] *전달*

[0553] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 바이러스 벡터 포함 조성물은 문헌(참조: 유럽 특허 출원 제EP1857552호, 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 AAV 비리온의 전달을 위한 방법을 사용하여 투여될 수 있거나 전달될 수 있다.

[0554] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 바이러스 벡터 포함 조성물은 문헌(참조: 유럽 특허 출원 제EP2678433호, 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 AAV 벡터를 사용한 단백질의 전달을 위한 방법을 사

용하여 투여될 수 있거나 전달될 수 있다.

[0555] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 바이러스 벡터 포함 조성물은 문헌(참조: 미국 특허 제US5,858,351호, 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 AAV 벡터를 사용한 DNA 분자의 전달을 위한 방법을 사용하여 투여될 수 있거나 전달될 수 있다.

[0556] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 바이러스 벡터 포함 조성물은 문헌(참조: 미국 특허 제6,211,163호, 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 혈류로 DNA를 전달하기 위한 방법을 사용하여 투여될 수 있거나 전달될 수 있다.

[0557] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 바이러스 벡터 포함 조성물은 문헌(참조: 미국 특허 제6,325,998호, 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 AAV 비리온의 전달을 위한 방법을 사용하여 투여될 수 있거나 전달될 수 있다.

[0558] 하나의 구현예에서, 본원에 기재되 바이러스 벡터 포함 조성물은 미국 특허 제7,588,757호(이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 기재된, 페이로드를 중추신경계로 전달하기 위한 방법을 사용하여 투여되거나 전달될 수 있다.

[0559] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 바이러스 벡터 포함 조성물은 미국 특허 제8283151호 (이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 기재된 페이로드를 전달하기 위한 방법을 사용하여 투여되거나 전달될 수 있다.

[0560] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 바이러스 벡터 포함 조성물은 문헌(참조: 국제 공개 공보 WO2001089583, 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 글루탐산 데카복실라제 (GAD) 전달 벡터를 사용하여 페이로드를 전달하기 위한 방법을 사용하여 투여될 수 있거나 전달될 수 있다.

[0561] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 바이러스 벡터 포함 조성물은 문헌(참조: 국제 공개 공보 WO2012057363, 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된, 페이로드를 신경세포로 전달하기 위한 방법을 사용하여 투여될 수 있거나 전달될 수 있다.

[0562] *세포로의 전달*

[0563] 본원의 개시내용은 세포 또는 조직을 상기 AAV 폴리뉴클레오타이드 또는 AAV 게놈과 접촉시키거나, 세포 또는 조직을 상기 AAV 폴리뉴클레오타이드 또는 AAV 게놈을 포함하는 입자와 접촉시키거나, 세포 또는 조직을 약제학적 조성물을 포함하는 상기된 조성물 중 어느 하나와 접촉시킴을 포함하는, 상기된 AAV 폴리뉴클레오타이드 또는 AAV 게놈의 어느 하나를 세포 또는 조직으로 전달하는 방법을 제공한다. AAV 폴리뉴클레오타이드 또는 AAV 게놈을 세포 또는 조직으로 전달하는 방법은 시험관내, 생체외 또는 생체내에서 성취될 수 있다.

[0564] *세포-합성 dsRNA로의 도입*

[0565] siRNA 분자(예를 들어, siRNA 듀플렉스 및 dsRNA)의 화학적 및 생물학적 안정성을 보장하기 위해, 표적 세포 내부에 siRNA 분자를 전달하는 것이 중요하다. 일부 구현예에서, 세포는 포유동물 기원의 세포, 사람 기원의 세포, 배아 줄기 세포, 유도된 만능 줄기 세포, 신경 줄기 세포 및 신경 선조체 세포를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[0566] siRNA를 포함하는 핵산은 정상 생리학적 조건하에서 당-포스페이트 골격 상에서 전체 음전하를 갖는다. 세포에 진입하기 위해서는 siRNA 분자는 헤드 그룹이 또한 음전하인 세포막의 지질 이중층과 접촉해야만 한다.

[0567] siRNA 듀플렉스는 이들이 세포막을 통과할 수 있게 하는 캐리어, 예를 들어, siRNA의 세포 취득을 촉진시키는 팩키지 입자와 복합체를 형성할 수 있다. 팩키지 입자는 리포좀, 나노입자, 양이온 지질, 폴리에틸렌이민 유도체, 덴드리머, 탄소 나노튜브 및 탄소-제조된 나노입자와 덴드리머의 조합체를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다. 지질은 양이온성 지질 및/또는 중성 지질일 수 있다. siRNA 분자와 양이온 캐리어 간의 잘 확립된 친지성 복합체 뿐만 아니라, siRNA 분자는 소수성 모이어티, 예를 들어, 콜레스테롤(예를 들어, 미국 특허 공개 공보 제20110110937호; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 접합될 수 있다. 상기 전달 방법은 siRNA 분자의 시험관내 세포 취득 및 생체내 약리학적 성질을 개선시키는 잠재력을 보유한다. 본 발명의 siRNA 분자는 또한 특정 양이온성 세포-침투 펩타이드 (CPP), 예를 들어, MPG, 트랜스포탄 또는 페너트라틴과 공유적으로 또는 비공유적으로 접합될 수 있다(예를 들어, 미국 특허 공개공보 제20110086425호; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다.

[0568] *세포-AAV 벡터로의 도입*

[0569] 본 발명의 상기 siRNA 분자(예를 들어, siRNA 듀플렉스)는 이에 제한되지 않지만 바이러스 벡터(예를 들어, AAV 벡터)와 같은 다양한 임의의 접근법을 사용하여 세포로 도입될 수 있다. 이들 바이러스 벡터는 형질감염으로 용이하게 처리될 수 없는 세포로의 siRNA 분자의 진입을 촉진시키기 위해 가공되고 최적화된다. 또한, 일부 합성 바이러스 벡터는 shRNA를 세포 게놈으로 통합시키는 능력을 소유함으로써 안정한 siRNA 발현 및 표적 유전자의 장기 녹다운을 유도한다. 상기 방식으로, 바이러스 벡터는 야생형 바이러스에서 발견되는 복제 및/또는 통합 특성이 없으면서 특이적 전달을 위해 가공된다.

[0570] 일부 구현예에서, 본 발명의 siRNA 분자는 세포를 친지성 담체 및 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 포함하는 조성물과 접촉시킴에 의해 세포로 도입된다. 다른 구현예에서, siRNA 분자는 세포를 벡터, 예를 들어, 세포에서 전사되는 경우 siRNA 분자를 생성할 수 있는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터로 형질감염시키거나 감염시킴에 의해 세포로 도입된다. 일부 구현예에서, siRNA 분자는 벡터, 예를 들어, 세포에서 전사되는 경우 siRNA 분자를 생성할 수 있는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 세포에 주사함에 의해 세포로 도입된다.

[0571] 일부 구현예에서, 형질감염 전, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 세포로 형질감염될 수 있다.

[0572] 다른 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 전기천공(예를 들어, 미국 특허 공개공보 제20050014264호; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 의해 세포에 전달될 수 있다.

[0573] 벡터, 예를 들어, 본원에 기재된 siRNA 분자에 대한 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 도입하기 위한 다른 방법은 미국 특허 공개공보 제20120264807호(이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 기재된 바와 같은 광화학적 내재화를 포함할 수 있다.

[0574] 일부 구현예에서, 본원에 기재된 제형은 적어도 하나의 벡터, 예를 들어, 본원에 기재된 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 함유할 수 있다. 하나의 구현예에서, siRNA 분자는 하나의 표적 부위에서 HTT 유전자를 표적화할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 제형은 다수의 벡터, 예를 들어, AAV 벡터를 포함하고, 각각의 벡터는 상이한 표적 부위에서 HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함한다. HTT는 2, 3, 4, 5 또는 5개 초과의 부위에서 표적화될 수 있다.

[0575] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 사람, 개, 마우스, 래트 또는 몽키와 같은 임의의 관련종 기원의 AAV 벡터는 세포로 도입될 수 있다.

[0576] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 치료될 질환과 관련된 세포에 도입될 수 있다. 비제한적인 예로서, 상기 질환은 HD이고 표적 세포는 신경세포 및 성상교세포이다. 또 다른 비제한적인 예로서, 상기 질환은 HD이고 표적 세포는 중형 돌기 신경세포, 피질 신경세포 및 성상교세포이다.

[0577] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 고수준의 표적 서열의 내인성 발현을 갖는 세포에 도입될 수 있다.

[0578] 또 다른 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 저수준의 표적 서열의 내인성 발현을 갖는 세포에 도입될 수 있다.

[0579] 하나의 구현예에서, 세포는 AAV 형질도입의 고효율을 갖는 것들일 수 있다.

[0580] *대상체로의 전달*

[0581] 본원의 개시내용은 추가로 포유동물 대상체를 포함하는 대상체에 상기된 임의의 AAV 폴리뉴클레오타이드 또는 AAV 게놈을 전달하는 방법을 제공하고, 상기 방법은 상기 대상체에 상기 AAV 폴리뉴클레오타이드 또는 AAV 게놈을 투여하거나 상기 대상체에 AAV 폴리뉴클레오타이드 또는 AAV 게놈을 포함하는 입자를 투여하거나 상기 대상체에 약제학적 조성물을 포함하는 상기된 임의의 조성물을 투여함을 포함한다.

[0582] 본원에 기재된 바이러스 벡터의 약제학적 조성물은 생물유용성, 치료학적 윈도우 및/또는 분포 용적 중 하나 이상을 특징으로 할 수 있다.

[0583] **III. 투여 및 용량**

[0584] 투여

[0585] 상기 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산을 포함하는 AAV 벡터는 치료학적으로 효과적인 결과를 유도하는 임의의 경로에 의해 투여될 수 있다. 이들은 기관의 실질조직 내, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만, 뇌(예를 들어, 뇌실질내), 선상체(선조체내), 장(장내), 위장, 경막외, 경구(입에 의한), 경피, 경막주위, 대뇌내(대뇌내로), 뇌심실내(뇌심실내로), 표피(피부 상으로의 적용), 피내, (피부 자체내로), 피하(피부 아래), 비강 투여(코를 통해), 정맥내(정맥내로), 정맥내 볼러스, 정맥내 드립, 관절내(관절내로), 근육내(근육내로), 심장내(심장내로), 골내 주입(골수내로), 척추강내(척추관내로), 연막하(피아와 하부 조직 사이), 신경절내(신경절내로), 복막내, (복막으로의 주입 또는 주사), 방광내 주입, 유리체내, (눈을 통해), 음경해면체내 주사(병리학적 강내로), 강내(음경의 기저 내로), 질내 투여, 자궁내, 양막외 투여, 경피(전신 분포를 위한 온전한 피부를 통한 확산), 경점막 (점막을 통한 확산), 경질, 흡입 (코흡입), 설하, 입술밑, 관장, 점안(결막 상으로), 귀 점적, 이개(귀 내 또는 귀 경유), 협측(볼을 향해 지시되는), 결막, 피부, 치음(치아 또는 치아들로), 전기-삼투압, 자궁경내, 부비강내, 기관내, 체외, 혈액 투석, 침윤, 간질, 복부내, 양막내, 관절내, 담즙내, 기관지내, 활액낭내, 연골내(연골안에), 미골부내(마미신경 안에), 수조내(대조 마그나 소뇌골수 안에), 각막내(각막 안에), 치아 코날내(dental intracornal), 관상동맥내(관상 동맥 안에), 백선내 해면체(음경의 백선해면체의 확장가능한 공간 안에), 디스크내(디스크 안에), 선관내(분비선 관 안에), 십이지장내(십이지장 안에), 경막내(경막 안에 또는 아래에), 상피내(상피로), 식도내(식도로), 위내(위 안에), 잇몸내(잇몸 안에), 회장내(소장의 원거 부분 안에), 병변내(국소 병변 안에 또는 여기에 직접적으로 도입된), 내강내(튜브의 내강 안에), 림프내(림프 안에), 수질내(골의 골수강 안에), 뇌막내(뇌막 안에), 안내(눈 안에), 난소내 (난소 안에), 심막내(심막 안에), 늑막내 (늑막 안에), 전립선내(전립선 안에), 폐내 (폐 또는 이의 기관지 안에), 부비강내(코 또는 안와주위 부비강 안에), 척추내(척주 안에), 활액막내 (관절의 활액막 강 안에), 건내(힘줄내), 고환내(고환 안에), 낭내(뇌척수 축의 임의의 수준에서 뇌척수 유체 안에), 흉부내(흉곽 안에), 관내(기관의 관 안에), 종양내(종양 안에), 고막내(아우루스 메디아 안에), 혈관내(혈관 또는 혈관들 안에), 심실내(심실안에), 이온영동치료법(가용성 염의 이온이 체조직으로 이동하는 전류에 의해), 관개(개방 상처 또는 체강을 세척하거나 플러싱하기 위해), 후두(후두 상에 직접적으로), 코위(코에서 위로 통하는), 폐색 드레싱 기술(이어서 영역을 폐색시키는 드레싱에 의해 커버되는 국소 경로 투여), 안과(외안으로서), 구강인두(입 및 인두에 직접적으로), 비경구, 경피적, 관절주위, 경막주위, 신경관내, 치주, 직장, 호흡(국소 또는 전신 효과를 위해 경구로 또는 비강으로 흡입함에 의한 호흡관 안에), 안구 뒤쪽(뇌교 뒤에 또는 안구 뒤에), 연질 조직, 지주막, 지주막하, 점막하, 국소, 경태반(태반을 통한 또는 태반을 거치는), 기관지경(기관벽을 통한), 경고막고막 강을 거쳐 또는 통과하여), 요관(요관으로), 요도(요도내로), 질, 미골부 차단술, 진단, 신경 차단술, 담 관류, 심장 관류, 광분반술 또는 척추를 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0586] 특정 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터의 조성물은 벡터 또는 siRNA 분자가 중추신경계에 진입하고 중형 돌기 및/또는 피질 신경세포 및/또는 성상교세포로 침투하는 것으로 촉진시키는 방식으로 투여될 수 있다.

[0587] 일부 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 근육내 주사에 의해 투여될 수 있다.

[0588] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 포유동물 세포에 뇌실질내 주사를 통해 투여될 수 있다.

[0589] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 뇌실질내 주사 및 척추강내 주사를 통해 투여될 수 있다.

[0590] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 선조체내 주사를 통해 투여될 수 있다.

[0591] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 선조체내 주사 및 본원에 기재된 또 다른 투여 경로를 통해 투여될 수 있다.

[0592] 일부 구현예에서, 본 발명의 siRNA 듀플렉스를 발현하는 AAV 벡터는 말초 주사 (예를 들어, 정맥내) 및/또는 비강내 전달에 의해 대상체에 투여될 수 있다. 당업계에서는 siRNA 듀플렉스에 대한 AAV 벡터의 말초 투여가 중추신경계, 예를 들어, 신경세포로 수송될 수 있음이 보고되었다(예를 들어, 미국 특허 공개공보 제20100240739호; 및 제20100130594호; 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다).

[0593] 다른 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 포함하는 조성물은 두개내 전달에 의해 대상체에 투여될 수 있다(문헌참조: 예를 들어, 미국 특허 제8,119,611호, 이의 각각의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다).

[0594] 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 임의의 적합한 형태, 액체 용액 또는 현탁액으로서, 액체 용액 중 액체 용액 또는 현탁액을 위해 적합한 고체 형태로서 투여될 수 있다. siRNA 듀플렉스는 임의의 적당하고 약제학적으로 허용되는 부형제로 제형화될 수 있다.

[0595] 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 "치료학적으로 효과적인" 양, 즉, 질환과 관련된 적어도 하나의 증상을 완화시키고/시키거나 예방하기에 충분한 양으로 투여될 수 있다.

[0596] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 헌팅톤 질환(HD)을 갖는 대상체에 대한 기능 및/또는 생존을 개선시키기 위한 치료학적 유효량으로 투여될 수 있다. 비제한적인 예로서, 벡터는 선조체로 직접적인 주입에 의해 투여될 수 있다.

[0597] 하나의 구현예에서 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 siRNA 듀플렉스가 중형 돌기 신경세포, 피질 신경세포 및/또는 성상교세포를 표적화하는 치료학적 유효량으로 대상체에 (예를 들어, 척추강내 투여를 통한 대상체의 CNS로) 투여될 수 있다. 비제한적인 예로서, siRNA 듀플렉스 또는 dsRNA는 HTT 단백질 또는 mRNA의 발현을 감소시킬 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, siRNA 듀플렉스 또는 dsRNA는 HTT를 저해할 수 있고 HTT 매개된 독성을 감소시킬 수 있다. HTT 매개된 독성 뿐만 아니라 HTT 단백질 및/또는 mRNA의 감소는 거의 어떠한 증진된 염증 없이 성취될 수 있다.

[0598] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 대상체의 기능적 감소(예를 들어, 통일된 헌팅톤 질환 평가 척도(UHDRS)와 같은 공지된 평가를 사용하여 결정되는)를 서행시키기 위한 치료학적 유효량으로 대상체에 (예를 들어, 대상체의 CNS에) 투여될 수 있다. 비제한적인 예로서, 벡터는 뇌실질내 주사를 통해 투여될 수 있다.

[0599] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 중형 돌기 신경세포, 피질 신경세포 및/또는 성상교세포를 형질도입하기 위한 치료학적 유효량으로 대조 마그나에 투여될 수 있다. 비제한적인 예로서, 벡터는 척추강내로 투여될 수 있다.

[0600] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 중형 돌기 신경세포, 피질 신경세포 및/또는 성상교세포를 형질도입하기 위한 치료학적 유효량으로 척추강내 주입을 사용하여 투여될 수 있다. 비제한적인 예로서, 벡터는 척추강내로 투여될 수 있다.

[0601] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 중형 돌기 신경세포, 피질 신경세포 및/또는 성상교세포를 형질도입하기 위한 치료학적 유효량으로 대조 마그나에 투여될 수 있다. 비제한적인 예로서, 벡터는 뇌실질내 주사에 의해 투여될 수 있다.

[0602] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 조절 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 AAV 벡터는 제형화될 수 있다. 비제한적인 예로서, 제형의 가압 및/또는 삼투압은 중추신경계 또는 중추신경계의 영역 또는 성분에서 최적의 약물 분포를 보장하기 위해 최적화될 수 있다.

[0603] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 조절 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 AAV 벡터는 단일 경로 투여를 통해 대상체에 전달될 수 있다.

[0604] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 조절 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 AAV 벡터는 다중 부위 투여 경로를 통해 대상체에 전달될 수 있다. 대상체에 벡터, 예를 들어, 2, 3, 4, 5 또는 5개 초과의 부위에서 조절 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 AAV 벡터가 투여될 수 있다.

[0605] 하나의 구현예에서, 볼러스 주사를 사용하여, 대상체에 벡터, 예를 들어, 본원에 기재된 조절 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 AAV 벡터가 투여될 수 있다.

[0606] 하나의 구현예에서, 수분, 수시간 또는 수일의 기간 동안 지속적 전달을 사용하여, 대상체에 벡터, 예를 들어, 본원에 기재된 조절 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 AAV 벡터가 투여될 수 있다. 주입 속도는 대상체, 분포, 제형 또는 또 다른 전달 파라미터에 의존하여 변화될 수 있다.

[0607] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본원에 기재된 AAV 벡터는 피핵 및 미상 주입을 통해 투여된다. 비제한적

인 예로서, 이원 주입은 전두 및 측두 피질 분포 뿐만 아니라 광범위 선조체 분포를 제공한다.

[0608] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 일방적 피핵 주입을 통해 투여되는 AAV-DJ8이다. 비제한적인 예로서, 투여된 AAV-DJ8의 분포는 일방적 피핵 주입을 통해 전달되는 AAV1의 분포와 유사하다.

[0609] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본원에 기재된 AAV 벡터는 C1에서 척추강내 (IT) 주입을 통해 투여된다. 주입은 1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15 또는 15시간 초과 동안일 수 있다.

[0610] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본원에 기재된 AAV 벡터의 투여를 위한 대상체의 선택 및/또는 투여의 효과, 투여 경로 및/또는 투여 용적은 혈관주위 버초우-로빈 공간(Virchow-Robin spaces)으로서도 공지된 혈관주위 공간(PVS)의 이미지화를 사용하여 평가될 수 있다. PVS는 이들이 뇌실질을 천공함으로써 세동맥 및 세정맥을 둘러싸고 뇌척수 유체 (CSF)/간질 유체로 채워진다. PVS는 중뇌, 기저핵 및 반란원중심에서 통상적이다. 이론에 국한되지 않으면서, PVS는 대사물의 정상 제거에 역할을 수행할 수 있고 파킨슨 질환을 포함하는 악한 인지 및 수개의 질환 상태와 관련되어 있다. PVS는 일반적으로 크기에서 정상이지만 이들은 다수의 질환 상태에서 크기에서 증가할 수 있다. 포터 등(Potter et al.) (문헌참조: Cerebrovasc Dis. 2015 Jan; 39(4): 224-231; 이의 내용은 본원에서 이의 전문이 참조로 인용된다)은 등급법을 개발하였고 여기서, 이들은 완전한 범위의 PVS 및 등급화된 기저핵, 반란원중심 및 중뇌 PVS를 연구하였다. 이들은 맥 및 룰리치 등(Mac and Lullich et al.)(문헌참조: J Neurol Neurosurg Psychiatry. 2004 Nov;75(11):1519-23; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)에 의해 사용된 PVS의 빈도 및 범위를 사용하였고 포터 등(Potter et al.)은 기저핵 및 반란원 중심 PVS에 5등급: 0 (부재), 1 (1-10), 2 (11-20), 3 (21-40) 및 4 (>40)를 부여하였고 중뇌 PVS에 2등급: 0 (가시적이지 않음) 또는 1 (가시적임)을 부여하였다. 포터 등에 의한 등급 시스템을 위한 사용자 가이드는 하기에서 찾을 수 있다: www.sbirc.ed.ac.uk/documents/epvs-rating-scale-user-guide.pdf.

[0611] *용량*

[0612] 본 발명의 약제학적 조성물은 HTT-관련 장애(예를 들어, 헌팅톤 질환(HD))를 감소시키고, 예방하고/하거나 치료하기 위한 임의의 유효량을 사용하여 대상체에게 투여될 수 있다. 요구되는 정확한 양은 종, 연령, 및 대상체의 일반 조건, 질환의 중증도, 특정 조성물, 이의 투여 방식, 이의 활성 방식 등에 의존하여 대상체 마다 다양하다.

[0613] 본 발명의 조성물은 전형적으로 투여의 용이함 및 용량의 균일성을 위해 유닛 투여 형태로 유닛 용량 형태로 제형화된다. 그러나 본 발명의 조성물의 총 하루 사용량은 완전한 의학적 판단 범위내에서 담당의에 의해 결정될 수 있는 것으로 이해된다. 임의의 특정 환자에 대한 특이적 치료학적 효과는 치료 받는 장애 및 장애의 중증도; 사용되는 특이적 화합물의 활성; 사용되는 특이적 조성물; 환자의 연령, 체중, 일반 건강 상태, 성별 및 식이; 투여 시간, 투여 경로, 및 사용되는 siRNA 듀플렉스의 분비율; 치료 지속 기간; 사용되는 특정 화합물과 조합하여 사용되거나 이와 함께 우현히 사용되는 약물; 및 의학 분야에서 널리 공지된 유사 인자들을 포함하는 다양한 인자들에 의존한다.

[0614] 하나의 구현예에서, 대상체의 연령 및 성별을 사용하여 본 발명의 조성물의 용량을 결정할 수 있다. 비제한적인 예로서, 보다 고령의 대상체는 보다 젊은 대상체와 비교하여 조성물의 보다 큰 용량(예를 들어, 5-10%, 10-20%, 15-30% ,20-50%, 25-50% 또는 적어도 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90% 또는 90% 초과의)을 수용할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 보다 젊은 대상체는 보다 고령의 대상체와 비교하여 조성물의 보다 큰 용량(예를 들어, 5-10%, 10-20%, 15-30% ,20-50%, 25-50% 또는 적어도 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90% 또는 90% 초과의)을 수용할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 여성 대상체는 남성 대상체와 비교하여 조성물의 보다 큰 용량(예를 들어, 5-10%, 10-20%, 15-30% ,20-50%, 25-50% 또는 적어도 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90% 또는 90% 초과의)을 수용할 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 남성 대상체는 여성 대상체와 비교하여 조성물의 보다 큰 용량(예를 들어, 5-10%, 10-20%, 15-30% ,20-50%, 25-50% 또는 적어도 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90% 또는 90% 초과의)을 수용할 수 있다.

[0615] 일부 특이적 구현예에서, 본 발명의 siRNA 듀플렉스를 위한 AAV 벡터의 용량은 질환 병태, 대상체 및 치료 전략에 의존하여 조정될 수 있다.

[0616] 하나의 구현예에서, 본 발명에 따른 조성물의 세포로의 전달은 [VG/시간 = mL/시간 * VG/mL]에 의해 한정된 전달율을 포함하고, 여기서, Vg는 바이러스 게놈이고, VG/mL는 조성물 농도이고, mL/시간은 지속적 전달율이다.

[0617] 하나의 구현예에서, 본 발명에 따른 조성물의 세포로의 전달은 약 $1x10^{6}$ VG 내지 약 $1x10^{16}$ VG의 대상체 당 총 농도를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 전달은 약 $1x10^{6}$, $2x10^{6}$, $3x10^{6}$, $4x10^{6}$, $5x10^{6}$, $6x10^{6}$, $7x10^{6}$, $8x10^{6}$, $9x10^{6}$, $1x10^{7}$, $2x10^{7}$, $3x10^{7}$, $4x10^{7}$, $5x10^{7}$, $6x10^{7}$, $7x10^{7}$, $8x10^{7}$, $9x10^{7}$, $1x10^{8}$, $2x10^{8}$, $3x10^{8}$, $4x10^{8}$, $5x10^{8}$, $6x10^{8}$, $7x10^{8}$, $8x10^{8}$, $9x10^{8}$, $1x10^{9}$, $2x10^{9}$, $3x10^{9}$, $4x10^{9}$, $5x10^{9}$, $6x10^{9}$, $7x10^{9}$, $8x10^{9}$, $9x10^{9}$, $1x10^{10}$, $2x10^{10}$, $3x10^{10}$, $4x10^{10}$, $5x10^{10}$, $6x10^{10}$, $7x10^{10}$, $8x10^{10}$, $9x10^{10}$, $1x10^{11}$, $1.1x10^{11}$, $1.2x10^{11}$, $1.3x10^{11}$, $1.4x10^{11}$, $1.5x10^{11}$, $1.6x10^{11}$, $1.7x10^{11}$, $1.8x10^{11}$, $1.9x10^{11}$, $2x10^{11}$, $2.1x10^{11}$, $2.2x10^{11}$, $2.3x10^{11}$, $2.4x10^{11}$, $2.5x10^{11}$, $2.6x10^{11}$, $2.7x10^{11}$, $2.8x10^{11}$, $2.9x10^{11}$, $3x10^{11}$, $4x10^{11}$, $5x10^{11}$, $6x10^{11}$, $7x10^{11}$, $7.1x10^{11}$, $7.2x10^{11}$, $7.3x10^{11}$, $7.4x10^{11}$, $7.5x10^{11}$, $7.6x10^{11}$, $7.7x10^{11}$, $7.8x10^{11}$, $7.9x10^{11}$, $8x10^{11}$, $9x10^{11}$, $1x10^{12}$, $1.1\ x10^{12}$, $1.2x10^{12}$, $1.3x10^{12}$, $1.4x10^{12}$, $1.5x10^{12}$, $1.6x10^{12}$, $1.7x10^{12}$, $1.8x10^{12}$, $1.9x10^{12}$, $2x10^{12}$, $2.1x10^{12}$, $2.2x10^{12}$, $2.3x10^{12}$, $2.4x10^{12}$, $2.5x10^{12}$, $2.6x10^{12}$, $2.7x10^{12}$, $2.8x10^{12}$, $2.9x10^{12}$, $3x10^{12}$, $3.1x10^{12}$, $3.2x10^{12}$, $3.3x10^{12}$, $3.4x10^{12}$, $3.5x10^{12}$, $3.6x10^{12}$, $3.7x10^{12}$, $3.8x10^{12}$, $3.9x10^{12}$, $4x10^{12}$, $4.1x10^{12}$, $4.2x10^{12}$, $4.3x10^{12}$, $4.4x10^{12}$, $4.5x10^{12}$,$4.6x10^{12}$, $4.7x10^{12}$, $4.8x10^{12}$, $4.9x10^{12}$, $5x10^{12}$, $6x10^{12}$, $6.1x10^{12}$, $6.2x10^{12}$, $6.3x10^{12}$, $6.4x10^{12}$, $6.5x10^{12}$, $6.6x10^{12}$, $6.7x10^{12}$, $6.8x10^{12}$, $6.9x10^{12}$, $7x10^{12}$, $8x10^{12}$, $8.1x10^{12}$, $8.2x10^{12}$, $8.3x10^{12}$, $8.4x10^{12}$, $8.5x10^{12}$, $8.6x10^{12}$, $8.7x10^{12}$, $8.8\ x10^{12}$, $8.9x10^{12}$, $9x10^{12}$, $1x10^{13}$, $1.1x10^{13}$, $1.2x10^{13}$, $1.3x10^{13}$, $1.4x10^{13}$, $1.5x10^{13}$, $1.6x10^{13}$, $1.7x10^{13}$, $1.8x10^{13}$, $1.9x10^{13}$, $2x10^{13}$, $3x10^{13}$, $4x10^{13}$, $5x10^{13}$, $6x10^{13}$, $6.7x10^{13}$, $7x10^{13}$, $8x10^{13}$, $9x10^{13}$, $1x10^{14}$, $2x10^{14}$, $3x10^{14}$, $4x10^{14}$, $5x10^{14}$, $6x10^{14}$, $7x10^{14}$, $8x10^{14}$, $9x10^{14}$, $1x10^{15}$, $2x10^{15}$, $3x10^{15}$, $4x10^{15}$, $5x10^{15}$, $6x10^{15}$, $7x10^{15}$, $8x10^{15}$, $9x10^{15}$, 또는 $1x10^{16}$ VG/대상체의 조성물 농도를 포함할 수 있다.

[0618] 하나의 구현예에서, 본 발명에 따른 조성물의 세포로의 전달은 약 $1x10^{6}$ VG/kg 내지 약 $1x10^{16}$ VG/kg의 대상체 당 총 농도를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 전달은 약 $1x10^{6}$, $2x10^{6}$, $3x10^{6}$, $4x10^{6}$, $5x10^{6}$, $6x10^{6}$, $7x10^{6}$, $8x10^{6}$, $9x10^{6}$, $1x10^{7}$, $2x10^{7}$, $3x10^{7}$, $4x10^{7}$, $5x10^{7}$, $6x10^{7}$, $7x10^{7}$, $8x10^{7}$, $9x10^{7}$, $1x10^{8}$, $2x10^{8}$, $3x10^{8}$, $4x10^{8}$, $5x10^{8}$, $6x10^{8}$, $7x10^{8}$, $8x10^{8}$, $9x10^{8}$, $1x10^{9}$, $2x10^{9}$, $3x10^{9}$, $4x10^{9}$, $5x10^{9}$, $6x10^{9}$, $7x10^{9}$, $8x10^{9}$, $9x10^{9}$, $1x10^{10}$, $2x10^{10}$, $3x10^{10}$, $4x10^{10}$, $5x10^{10}$, $6x10^{10}$, $7x10^{10}$, $8x10^{10}$, $9x10^{10}$, $1x10^{11}$, $1.1x10^{11}$, $1.2x10^{11}$, $1.3x10^{11}$, $1.4x10^{11}$, $1.5x10^{11}$, $1.6x10^{11}$, $1.7x10^{11}$, $1.8x10^{11}$, $1.9x10^{11}$, $2x10^{11}$, $2.1x10^{11}$, $2.2x10^{11}$, $2.3x10^{11}$, $2.4x10^{11}$, $2.5x10^{11}$, $2.6x10^{11}$, $2.7x10^{11}$, $2.8x10^{11}$, $2.9x10^{11}$, $3x10^{11}$, $4x10^{11}$, $5x10^{11}$, $6x10^{11}$, $7x10^{11}$, $7.1x10^{11}$, $7.2x10^{11}$, $7.3x10^{11}$, $7.4x10^{11}$, $7.5x10^{11}$, $7.6x10^{11}$, $7.7x10^{11}$, $7.8x10^{11}$, $7.9x10^{11}$, $8x10^{11}$, $9x10^{11}$, $1x10^{12}$, $1.1\ x10^{12}$, $1.2x10^{12}$, $1.3x10^{12}$, $1.4x10^{12}$, $1.5x10^{12}$, $1.6x10^{12}$, $1.7x10^{12}$, $1.8x10^{12}$, $1.9x10^{12}$, $2x10^{12}$, $2.1x10^{12}$, $2.2x10^{12}$, $2.3x10^{12}$, $2.4x10^{12}$, $2.5x10^{12}$, $2.6x10^{12}$, $2.7x10^{12}$, $2.8x10^{12}$, $2.9x10^{12}$, $3x10^{12}$, $3.1x10^{12}$, $3.2x10^{12}$, $3.3x10^{12}$, $3.4x10^{12}$, $3.5x10^{12}$, $3.6x10^{12}$, $3.7x10^{12}$, $3.8x10^{12}$, $3.9x10^{12}$, $4x10^{12}$, $4.1x10^{12}$, $4.2x10^{12}$, $4.3x10^{12}$, $4.4x10^{12}$, $4.5x10^{12}$,$4.6x10^{12}$, $4.7x10^{12}$, $4.8x10^{12}$, $4.9x10^{12}$, $5x10^{12}$, $6x10^{12}$, $6.1x10^{12}$, $6.2x10^{12}$, $6.3x10^{12}$, $6.4x10^{12}$, $6.5x10^{12}$, $6.6x10^{12}$, $6.7x10^{12}$, $6.8x10^{12}$, $6.9x10^{12}$, $7x10^{12}$, $8x10^{12}$, $8.1x10^{12}$, $8.2x10^{12}$, $8.3x10^{12}$, $8.4x10^{12}$, $8.5x10^{12}$, $8.6x10^{12}$, $8.7x10^{12}$, $8.8\ x10^{12}$, $8.9x10^{12}$, $9x10^{12}$, $1x10^{13}$, $1.1x10^{13}$, $1.2x10^{13}$, $1.3x10^{13}$, $1.4x10^{13}$, $1.5x10^{13}$, $1.6x10^{13}$, $1.7x10^{13}$, $1.8x10^{13}$, $1.9x10^{13}$, $2x10^{13}$, $3x10^{13}$, $4x10^{13}$, $5x10^{13}$, $6x10^{13}$, $6.7x10^{13}$, $7x10^{13}$, $8x10^{13}$, $9x10^{13}$, $1x10^{14}$, $2x10^{14}$, $3x10^{14}$, $4x10^{14}$, $5x10^{14}$, $6x10^{14}$, $7x10^{14}$, $8x10^{14}$, $9x10^{14}$, $1x10^{15}$, $2x10^{15}$, $3x10^{15}$, $4x10^{15}$, $5x10^{15}$, $6x10^{15}$, $7x10^{15}$, $8x10^{15}$, $9x10^{15}$, 또는 $1x10^{16}$ VG/kg의 조성물 농도를 포함할 수 있다.

[0619] 하나의 구현예에서, 약 10^{5} 내지 10^{6} 바이러스 게놈 (유닛)은 용량 당 투여될 수 있다.

[0620] 하나의 구현예에서, 본 발명에 따른 조성물의 세포로의 전달은 약 $1x10^{6}$ VG/mL 내지 약 $1x10^{16}$ VG/mL의 총 농도

를 포함할 수 있다. 일부 구현예에서, 전달은 약 $1x10^{6}$, $2x10^{6}$, $3x10^{6}$, $4x10^{6}$, $5x10^{6}$, $6x10^{6}$, $7x10^{6}$, $8x10^{6}$, $9x10^{6}$, $1x10^{7}$, $2x10^{7}$, $3x10^{7}$, $4x10^{7}$, $5x10^{7}$, $6x10^{7}$, $7x10^{7}$, $8x10^{7}$, $9x10^{7}$, $1x10^{8}$, $2x10^{8}$, $3x10^{8}$, $4x10^{8}$, $5x10^{8}$, $6x10^{8}$, $7x10^{8}$, $8x10^{8}$, $9x10^{8}$, $1x10^{9}$, $2x10^{9}$, $3x10^{9}$, $4x10^{9}$, $5x10^{9}$, $6x10^{9}$, $7x10^{9}$, $8x10^{9}$, $9x10^{9}$, $1x10^{10}$, $2x10^{10}$, $3x10^{10}$, $4x10^{10}$, $5x10^{10}$, $6x10^{10}$, $7x10^{10}$, $8x10^{10}$, $9x10^{10}$, $1x10^{11}$, $1.1x10^{11}$, $1.2x10^{11}$, $1.3x10^{11}$, $1.4x10^{11}$, $1.5x10^{11}$, $1.6x10^{11}$, $1.7x10^{11}$, $1.8x10^{11}$, $1.9x10^{11}$, $2x10^{11}$, $3x10^{11}$, $4x10^{11}$, $5x10^{11}$, $6x10^{11}$, $7x10^{11}$, $8x10^{11}$, $9x10^{11}$, $1x10^{12}$, $1.1x10^{12}$, $1.2x10^{12}$, $1.3x10^{12}$, $1.4x10^{12}$, $1.5x10^{12}$, $1.6x10^{12}$, $1.7x10^{12}$, $1.8x10^{12}$, $1.9x10^{12}$, $2x10^{12}$, $2.1x10^{12}$, $2.2x10^{12}$, $2.3x10^{12}$, $2.4x10^{12}$, $2.5x10^{12}$, $2.6x10^{12}$, $2.7x10^{12}$, $2.8x10^{12}$, $2.9x10^{12}$, $3x10^{12}$, $3.1x10^{12}$, $3.2x10^{12}$, $3.3x10^{12}$, $3.4x10^{12}$, $3.5x10^{12}$, $3.6x10^{12}$, $3.7x10^{12}$, $3.8x10^{12}$, $3.9x10^{12}$, $4x10^{12}$, $4.1x10^{12}$, $4.2x10^{12}$, $4.3x10^{12}$, $4.4x10^{12}$, $4.5x10^{12}$, $4.6x10^{12}$, $4.7x10^{12}$, $4.8x10^{12}$, $4.9x10^{12}$, $5x10^{12}$, $6x10^{12}$, $6.1x10^{12}$, $6.2x10^{12}$, $6.3x10^{12}$, $6.4x10^{12}$, $6.5x10^{12}$, $6.6x10^{12}$, $6.7x10^{12}$, $6.8x10^{12}$, $6.9x10^{12}$, $7x10^{12}$, $8x10^{12}$, $9x10^{12}$, $1x10^{13}$, $1.1x10^{13}$, $1.2x10^{13}$, $1.3x10^{13}$, $1.4x10^{13}$, $1.5x10^{13}$, $1.6x10^{13}$, $1.7x10^{13}$, $1.8x10^{13}$, $1.9x10^{13}$, $2x10^{13}$, $3x10^{13}$, $4x10^{13}$, $5x10^{13}$, $6x10^{13}$, $6.7x10^{13}$, $7x10^{13}$, $8x10^{13}$, $9x10^{13}$, $1x10^{14}$, $2x10^{14}$, $3x10^{14}$, $4x10^{14}$, $5x10^{14}$, $6x10^{14}$, $7x10^{14}$, $8x10^{14}$, $9x10^{14}$, $1x10^{15}$, $2x10^{15}$, $3x10^{15}$, $4x10^{15}$, $5x10^{15}$, $6x10^{15}$, $7x10^{15}$, $8x10^{15}$, $9x10^{15}$, 또는 $1x10^{16}$ VG/mL의 조성물 농도를 포함할 수 있다.

[0621] 특정 구현예에서, 목적하는 siRNA 듀플렉스 용량은 다중 투여(예를 들어, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개 이상의 투여)를 사용하여 전달될 수 있다. 다중 투여가 사용되는 경우, 본원에 기재된 것들과 같은 나누어진 투여 용법이 사용될 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은 "나누어진 용량"은 단일 유닛 용량 또는 총 하루 용량의 2개 이상의 용량으로의 분할, 예를 들어, 단일 유닛 용량의 2회 이상의 투여이다. 본원에 사용된 바와 같은 "단일 유닛 용량"은 하나의 용량에서/단일 경로/단일 접촉 지점, 즉, 단일 투여 반응으로 투여되는 임의의 조절 폴리뉴클레오타이드 치료제의 용량이다. 본원에 사용된 바와 같은 "총 하루 용량"은 24시간내 주어지거나 처방되는 양이다. 이것은 단일 유닛 용량으로서 투여될 수 있다. 하나의 구현예에서, 본 발명의 조절 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 바이러스 벡터는 나누어진 용량으로 대상체에게 투여된다. 이들은 완충제에서만 또는 본원에 기재된 제형에서 제형화될 수 있다.

[0622] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 조성물의 용량, 농도 및/또는 용적은 투여 후 미상(caudate) 또는 피핵의 피질 및 피질하 분포로의 기여에 의존하여 조정될 수 있다. 투여는 뇌실내, 피핵내, 시상내, 뇌실질내, 연막하(subpial), 및/또는 척추강내 투여일 수 있다.

[0623] 하나의 구현예에서, 본원에 기재된 조성물의 용량, 농도 및/또는 용적은 뇌실내, 피핵내, 시상내, 뇌실질내, 연막하 및/또는 척추강내 전달에 의한 투여 후 피질 및 신경축 분포에 의존하여 조정될 수 있다.

[0624] **IV. 본 발명의 방법 및 조성물의 용도**

[0625] 헌팅톤 질환의 치료 방법

[0626] 본원에 제공된 것은 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 세포에 도입하는 방법이고, 상기 방법은 표적 HTT mRNA의 분해가 일어나도록 하기에 충분한 양으로 임의의 벡터를 상기 벡터에 도입하여 상기 세포 내 표적-특이적 RNAi를 활성화시킴을 포함한다. 일부 양상에서, 세포는 줄기세포, 신경세포, 예를 들어, 중혈 돌기 또는 피질 신경세포, 근육 세포 및 신경교 세포, 예를 들어, 성상교세포일 수 있다.

[0627] 본 발명에 기재된 것은 치료를 필요로 하는 대상체에서 HTT 단백질과 연관된 헌팅톤 질환(HD)를 치료하기 위한 방법이다. 상기 방법은 임의로 적어도 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 포함하는 치료학적 유효량의 조성물을 대상체에게 투여함을 포함한다. 비제한적인 예로서, siRNA 분자는 HTT 유전자 발현을 사일런싱할 수 있고, HTT 단백질 생산을 저해할 수 있고, HD가 치료학적으로 치료되도록 대상체에서 HD의 하나 이상의 증상을 감소시킬 수 있다.

[0628] 일부 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 포함하는 조성물은 대상체의 중추신경계에 투여된다. 다른 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 포함하는 조성물은 대상체의 조직(예를 들어, 대상체의 뇌)에 투

여된다.

[0629] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 포함하는 조성물은 뇌실질내 주사를 통해 대상체의 중추신경계에 투여된다.

[0630] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 포함하는 조성물은 뇌실질내 주사 및 척추강내 주사를 통해 대상체의 중추신경계에 투여된다.

[0631] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터를 포함하는 조성물은 뇌실질내 주사 및 뇌심실내 주사를 통해 대상체의 중추신경계에 투여된다.

[0632] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 중형 돌기 또는 피질 신경세포를 포함하는 신경세포; 희소돌기아교세포, 성상교세포 및 미세아교세포를 포함하는 신경교 세포; 및/또는 T 세포와 같은 신경세포 주변의 다른 세포를 포함하지만 이에 제한되지 않는 특정 유형의 표적화된 세포로 전달될 수 있다.

[0633] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 선조체내 신경세포 및/또는 피질의 신경세포로 전달될 수 있다.

[0634] 일부 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 HD에 대한 치료요법으로서 사용될 수 있다.

[0635] 일부 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 선조체 및/또는 피질의 신경세포 및/또는 성상교세포 내 HTT 단백질을 저해하기 위해 사용될 수 있다. 비제한적인 예로서, HTT 단백질의 저해는 선조체의 중형 돌기 신경세포 및/또는 피질의 신경세포에 있다.

[0636] 일부 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 선조체 및/또는 피질의 신경세포 및/또는 성상교세포 내 HTT 단백질을 저해하고 관련된 신경세포 독성을 감소시키기 위해 사용될 수 있다. 선조체 및/또는 피질의 신경세포 및/또는 성상교세포에서 HTT 단백질의 저해는 독립적으로 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 또는 95% 초과, 5-15%, 5-20%, 5-25%, 5-30%, 5-35%, 5-40%, 5-45%, 5-50%, 5-55%, 5-60%, 5-65%, 5-70%, 5-75%, 5-80%, 5-85%, 5-90%, 5-95%, 10-20%, 10-25%, 10-30%, 10-35%, 10-40%, 10-45%, 10-50%, 10-55%, 10-60%, 10-65%, 10-70%, 10-75%, 10-80%, 10-85%, 10-90%, 10-95%, 15-25%, 15-30%, 15-35%, 15-40%, 15-45%, 15-50%, 15-55%, 15-60%, 15-65%, 15-70%, 15-75%, 15-80%, 15-85%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-35%, 20-40%, 20-45%, 20-50%, 20-55%, 20-60%, 20-65%, 20-70%, 20-75%, 20-80%, 20-85%, 20-90%, 20-95%, 25-35%, 25-40%, 25-45%, 25-50%, 25-55%, 25-60%, 25-65%, 25-70%, 25-75%, 25-80%, 25-85%, 25-90%, 25-95%, 30-40%, 30-45%, 30-50%, 30-55%, 30-60%, 30-65%, 30-70%, 30-75%, 30-80%, 30-85%, 30-90%, 30-95%, 35-45%, 35-50%, 35-55%, 35-60%, 35-65%, 35-70%, 35-75%, 35-80%, 35-85%, 35-90%, 35-95%, 40-50%, 40-55%, 40-60%, 40-65%, 40-70%, 40-75%, 40-80%, 40-85%, 40-90%, 40-95%, 45-55%, 45-60%, 45-65%, 45-70%, 45-75%, 45-80%, 45-85%, 45-90%, 45-95%, 50-60%, 50-65%, 50-70%, 50-75%, 50-80%, 50-85%, 50-90%, 50-95%, 55-65%, 55-70%, 55-75%, 55-80%, 55-85%, 55-90%, 55-95%, 60-70%, 60-75%, 60-80%, 60-85%, 60-90%, 60-95%, 65-75%, 65-80%, 65-85%, 65-90%, 65-95%, 70-80%, 70-85%, 70-90%, 70-95%, 75-85%, 75-90%, 75-95%, 80-90%, 80-95%, 또는 90-95%까지 저해될 수 있다. 관련 신경세포 독성의 감소는 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 또는 95% 초과, 5-15%, 5-20%, 5-25%, 5-30%, 5-35%, 5-40%, 5-45%, 5-50%, 5-55%, 5-60%, 5-65%, 5-70%, 5-75%, 5-80%, 5-85%, 5-90%, 5-95%, 10-20%, 10-25%, 10-30%, 10-35%, 10-40%, 10-45%, 10-50%, 10-55%, 10-60%, 10-65%, 10-70%, 10-75%, 10-80%, 10-85%, 10-90%, 10-95%, 15-25%, 15-30%, 15-35%, 15-40%, 15-45%, 15-50%, 15-55%, 15-60%, 15-65%, 15-70%, 15-75%, 15-80%, 15-85%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-35%, 20-40%, 20-45%, 20-50%, 20-55%, 20-60%, 20-65%, 20-70%, 20-75%, 20-80%, 20-85%, 20-90%, 20-95%, 25-35%, 25-40%, 25-45%, 25-50%, 25-55%, 25-60%, 25-65%, 25-70%, 25-75%, 25-80%, 25-85%, 25-90%, 25-95%, 30-40%, 30-45%, 30-50%, 30-55%, 30-60%, 30-65%, 30-70%, 30-75%, 30-80%, 30-85%, 30-90%, 30-95%, 35-45%, 35-50%, 35-55%, 35-60%, 35-65%, 35-70%, 35-75%, 35-80%, 35-85%, 35-90%, 35-95%, 40-50%, 40-55%, 40-60%, 40-65%, 40-70%, 40-75%, 40-80%, 40-85%, 40-90%, 40-95%, 45-55%, 45-60%, 45-65%, 45-70%, 45-75%, 45-80%, 45-85%, 45-90%, 45-95%, 50-60%, 50-65%, 50-70%, 50-75%, 50-80%, 50-85%, 50-90%, 50-95%, 55-65%, 55-70%, 55-75%, 55-80%, 55-85%, 55-90%, 55-95%, 60-70%, 60-75%, 60-80%, 60-85%, 60-90%, 60-95%, 65-75%, 65-80%, 65-85%, 65-90%, 65-95%, 70-

80%, 70-85%, 70-90%, 70-95%, 75-85%, 75-90%, 75-95%, 80-90%, 80-95%, 또는 90-95%일 수 있다.

[0637] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 HD를 앓는 대상체의 인지 및/또는 운동 감퇴를 감소시키기 위해 사용될 수 있고, 여기서, 감퇴의 양은 표준 평가 시스템, 이에 제한되지 않지만 예를 들어, 통일된 헌팅톤 질환 평가 척도 (UHDRS) 및 서브스코어, 및 인지 시험에 의해 결정된다.

[0638] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자를 암호화하는 핵산 서열을 포함하는 AAV 벡터는 표준 평가 시스템, 이에 제한되지 않지만 예를 들어, 전체 기능 능력 (TFC) 척도에 의한 측정시 일상 생활의 기능 능력 및 활동의 감퇴를 감소시키기 위해 사용된다.

[0639] 일부 구현예에서, 본 발명의 조성물은 HD의 치료를 위한 단독 치료제로서 또는 조합 치료제로서 투여된다.

[0640] 벡터, 예를 들어, HTT 유전자를 표적화하는 siRNA 듀플렉스를 암호화하는 AAV 벡터는 하나 이상의 다른 치료제와 조합하여 사용될 수 있다. "와 조합하여"란, 상기 제제가 동일한 시점에 투여되어야만 하고/하거나 전달을 위해 함께 제형화되어야 함을 의미하는 것으로 의도되지 않지만 이들 전달 방법의 본원의 개시내용의 범위내에 있다. 조성물은 하나 이상의 다른 목적하는 치료 또는 의약 처방 과정과 함께, 전에 또는 후속적으로 투여될 수 있다. 일반적으로, 각각의 제제는 상기 제제에 대해 결정된 용량 및/또는 시간 스케줄에서 투여된다.

[0641] 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자에 대한 핵산 서열을 암호화하는 AAV 벡터와 조합하여 사용될 수 있는 치료제는 항산화제, 소염제, 항-아폽토시스 제제, 칼슘 조절제, 항글루타메타제성 제제(antiglutamatergic agents), 구조 단백질 저해제, 근육 기능에 관여하는 화합물, 및 금속 이온 조절에 관여하는 화합물인 소분자 화합물일 수 있다.

[0642] 본원에 기재된 벡터와 조합하여 사용될 수 있는 HD를 치료하기 위해 시험된 화합물은 도파민-고갈 제제(예를 들어, 무도증에 대한 테트라베나진), 벤조디아제핀(예를 들어, 근육간대경련, 무도증, 실조증,강직증 및/또는 뇌성마비에 대한 클로나제팜), 항경련제 (예를 들어, 근육간대경련에 대한 나트륨 발프로에이트 및 레베티라세탐), 도파민의 아미노산 전구체(예를 들어, 특히 청소년 HD 또는 젊은 성인-발병 파킨슨 표현형과 관련된 강직증에 대한 레보도파), 골격근 이완제(예를 들어, 바클로펜, 강직증 및/또는 뇌성마비에 대한 티자니딘), 근육마비를 유발하는 신경근 접합부에서 아세틸콜린 방출에 대한 저해제(예를 들어, 이갈이 및/또는 근육긴장이상에 대한 보툴리늄 독소), 비전형적 신경 이완제(예를 들어, 정신병 및/또는 과민성에 대한 올란자핀 및 쿠에티아핀, 정신병, 무도증 및/또는 과민성에 대한 리스페리돈, 설피리드 및 할로페리돌, 치료-내성 정신병에 대한 클로자핀, 현저한 음성 증상을 갖는 정신병에 대한 아리피프라졸), ATP/세포 에너제틱(예를 들어, 크레아틴)을 증가시키기 위한 제제, 선택적 세로토닌 재흡수 저해제(SSRI) (예를 들어, 우울증, 불안증, 강박 행동 및/또는 과민성에 대한 시탈로프람, 플루옥세틴, 파록세틴, 세르트랄린, 미르타자핀, 벤라팍신), 최면제 (예를 들어, 변형된 수면 각성 사이클에 대한 소피클론(xopiclone) 및/또는 졸피뎀), 항경련제 (예를 들어, 조증 또는 경조증에 대한 나트륨 발프로에이트 및 카바마제핀) 및 분위기 안정화제(예를 들어, 조증 또는 경조증에 대한 리튬)를 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0643] 신경영양성 인자는 벡터, 예를 들어, HD를 표적화하기 위한 본 발명의 siRNA 분자에 대한 핵산 서열을 암호화하는 AAV 벡터와의 조합 치료요법에 사용될 수 있다. 일반적으로, 신경영양성 인자는 신경세포의 생존, 성장, 분화, 증식 및/또는 성숙화를 촉진시키거나 신경세포의 증가된 활성을 자극하는 물질로서 정의된다. 일부 구현예에서, 본 발명의 방법은 하나 이상의 인자의 치료를 필요로 하는 대상체로의 전달을 추가로 포함한다. 영양성 인자들은 IGF-I, GDNF, BDNF, CTNF, VEGF, 콜리벨린, 크살리프로덴, 티로트로핀-방출 호르몬 및 ADNF 및 이들의 변이체를 포함할 수 있지만 이에 제한되지 않는다.

[0644] 하나의 양상에서, 벡터, 예를 들어, HTT 유전자를 표적화하는 적어도 하나의 siRNA 듀플렉스에 대한 핵산 서열을 암호화하는 AAV 벡터는 AAV-IGF-I(문헌참조: 예를 들어, Vincent et al., *Neuromolecular medicine*, 2004, 6, 79-85; 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다) 및 AAV-GDNF(문헌참조: 예를 들어, Wang et al., *J Neurosci.*, 2002, 22, 6920-6928; 이의 내용은 이의 전문이 본원에 참조로 인용된다)와 같은 신경영양성 인자들을 발현하는 AAV 벡터와 동시 투여될 수 있다.

[0645] 일부 구현예에서, HD를 치료하기 위한 본 발명의 조성물은 이를 필요로 하는 대상체에게 정맥내, 근육내, 피하, 복막내, 뇌실질내, 연막하, 척추강내 및/또는 심실내로 투여되어 siRNA 분자 또는 siRNA를 포함하는 벡터가 하나 또는 2개의 혈뇌 장벽 및 혈액 척수 장벽을 통과하도록 하거나 직접적으로 뇌 및/또는 척수에 접근하도록 할 수 있다. 일부 양상에서, 상기 방법은 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA 분자에 대한 핵산 서열을 암호화하는

AAV 벡터를 포함하는 치료학적 유효량의 조성물을 대상체의 중추신경계 (CNS)에 직접적으로(예를 들어, 주입 펌프 및/또는 전달 스캐폴드를 사용하여) 투여 (예를 들어, 뇌실질내 투여, 연막하 투여, 심실내 투여 및/또는 척추강내 투여)함을 포함한다. 상기 벡터는 HTT 유전자 발현을 사일런싱하거나 저해하기 위해 및/또는 HD가 치료학적으로 치료되도록 대상체에서 HD의 하나 이상의 증상을 감소시키기 위해 사용될 수 있다.

[0646] 일부 구현예에서, HD를 치료하기 위한 본 발명의 조성물은 뇌실질내 투여를 필요로 하는 대상체에게 투여된다.

[0647] 특정 양상에서, HD의 증상은 행동 어려움 및 증상, 예를 들어, 이에 제한되지만, 무관심 또는 결단력 부재, 불쾌감, 과민성, 동요 또는 불안증, 불량한 자기-케어, 불량한 판단, 불요성, 억제불능, 우울증, 자살 충동 도취감, 공격성, 망상, 강박, 성욕과다, 환각, 말의 열화, 불분명 발음, 연하 곤란, 체중 손실, 수행 기능 (예를 들어, 구성, 계획, 조사 또는 변화적등 및 새로운 운동기술의 습득 지연)을 손상시키는 인지 기능부전, 불안정 보행 및 불수의 운동(무도증)을 포함한다. 다른 양상에서, 본 발명의 조성물은 뇌 및 척수 중 하나 또는 둘 다에 적용된다. 하나의 구현예에서, 대상체의 생존은 본원에 기재된 임의의 HD 증상을 치료함에 의해 지연된다.

[0648] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, 본 발명의 siRNA를 암호화하는 AAV 벡터의 대상체로의 투여는 대상체에서 HTT (예를 들어, 돌연변이체 및/또는 야생형 HTT)를 저하시킬 수 있다. 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터의 대상체로의 투여는 대상체에서 야생형 HTT를 저하시킬 수 있다. 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터의 대상체로의 투여는 대상체에서 돌연변이체 HTT를 저하시킬 수 있다. 또 다른 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터의 대상체로의 투여는 대상체에서 돌연변이체 및 야생형 HTT 둘 다를 저하시킬 수 있다. 돌연변이체 및/또는 야생형 HTT는 대상체에서, 예를 들어, 이에 제한되지 않지만 CNS, CNS의 영역 또는 대상체의 CNS의 특정 세포에서 약 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, 95% 및 100%, 또는 적어도 20-30%, 20-40%, 20-50%, 20-60%, 20-70%, 20-80%, 20-90%, 20-95%, 20-100%, 30-40%, 30-50%, 30-60%, 30-70%, 30-80%, 30-90%, 30-95%, 30-100%, 40-50%, 40-60%, 40-70%, 40-80%, 40-90%, 40-95%, 40-100%, 50-60%, 50-70%, 50-80%, 50-90%, 50-95%, 50-100%, 60-70%, 60-80%, 60-90%, 60-95%, 60-100%, 70-80%, 70-90%, 70-95%, 70-100%, 80-90%, 80-95%, 80-100%, 90-95%, 90-100% 또는 95-100%로 저하될 수 있다. 비제한적인 예로서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 중형 돌기 신경세포에서 적어도 50%까지 HTT의 발현을 저하시킬 수 있다. 비제한적인 예로서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 중형 돌기 신경세포에서 적어도 40%까지 HTT의 발현을 저하시킬 수 있다. 비제한적인 예로서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 적어도 40%까지 HTT의 발현을 저하시킬 수 있다. 비제한적인 예로서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 적어도 30%까지 HTT의 발현을 저하시킬 수 있다. 비제한적인 예로서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 피핵에서 적어도 30%까지 HTT의 발현을 저하시킬 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 피핵 및 피질에서 적어도 40%까지 HTT의 발현을 저하시킬 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 피핵 및 피질에서 적어도 30%까지 HTT의 발현을 저하시킬 수 있다. 또 다른 비제한적인 예로서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 피핵에서 적어도 30%까지 및 피질에서 적어도 15%까지 HTT의 발현을 저하시킬 수 있다.

[0649] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터의 대상체로의 투여는 대상체에서 HTT의 발현을 감소시키고 HTT의 발현의 감소는 대상체에서 HD의 효과를 감소시킨다.

[0650] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 바이오마커 평가를 받은 대상체에게 투여될 수 있다. HD의 프레매니페스트 및 조기 진행에 대한 혈액 내 잠재적 바이오마커는 8-OHdG 산화 스트레스 마커, 대사 마커(예를 들어, 크레아티닌 키나제, 측쇄 아미노산), 콜레스테롤 대사물(예를 들어, 24-OH 콜레스테롤), 면역 및 염증 단백질(예를 들어, 클러스테린, 보체 성분, 인터류킨 6 및 8), 유전자 발현 변화(예를 들어, 전사 마커), 내분비 마커(예를 들어, 코르티졸, 그렐린 및 렙틴), BDNF, 아데노신 2A 수용체를 포함하지만 이에 제한되지 않는다. HD에 대한 프레매니페스트 및 조기 진행에 대한 뇌 이미지화를 위한 잠재적 바이오마커는 선조체 용적, 피질하 백질 용적, 피질 두께, 전뇌 및 심실 용적, 기능 이미지화 (예를 들어, 기능성 MRI), PET (예를 들어, 플루오로데옥시글루코스), 및 자기 공명 분광측정기(예를 들어, 락테이트)를 포함하지만 이에 제한되지 않는다. HD의 프레매니페스트 및 조기 진행에 대한 정량적 임상 도구를 위한 잠재적 바이오마커는 정량적 운동 평가, 운동 생리학적 평가 (예를 들어, 두개경유 자기 자극), 및 정량적 눈 운동 측정을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 정량적 임상 바이오마커 평가의 비제한적인 예는 혀 힘 가변성, 메트로놈-가이드된 태핑, 악력, 안구운동 평가 및 인지 시험을 포함한다. 멀티센터 관찰 연구의 비제한적인 예는 PREDICT-HD 및 TRACK-HD를 포함한다. 대상체는 HD의 증상을 갖거나 HD로 진단되거나, HD에 대해 무증상일 수 있다.

[0651] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 신경이미지화를 사용하여 바이오마커 평가를 받은 대상체에게 투여될 수 있다. 대상체는 HD의 증상을 갖거나 HD로 진단되거나, HD에 대해 무증상일 수 있다.

[0652] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 HD에 대해 무증상인 대상체에게 투여될 수 있다. 대상체는 무증상일 수 있지만 이들이 HD에 대한 위험에 처해 있는지 및/또는 대상체가 HD로 진단된 가족 구성원 (예를 들어, 어머니, 아버지, 형제, 자매, 숙모, 삼촌, 조부모)을 가질 수 있는지를 결정하기 위한 예측 유전학적 시험 또는 바이오마커 평가를 받을 수 있다.

[0653] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 HD의 조기 단계에 있는 대상체에게 투여될 수 있다. 조기 단계에서, 대상체는 협력에서 민감한 변화, 일부 비자발적 운동 (무도증), 과민성 및 우울증과 같은 분위기에서의 변화, 문제 해결 어려움, 이들의 정상적인 일상 생활에서 기능하는 개인의 능력 감소를 갖는다.

[0654] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 HD의 중간 단계에 있는 대상체에게 투여될 수 있다. 중간 단계에서, 대상체는 운동 장애의 증가, 감소된 말, 연하 곤란이 증가하고 통상적인 활동을 하기가 곤란해진다. 상기 단계에서, 대상체는 자발성 운동 제어 유지를 도와주기 위해 직업 물리 치료사를 가질 수 있고 대상체는 언어 치료사를 가질 수 있다.

[0655] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터는 HD의 후기 단계에 있는 대상체에게 투여될 수 있다. 후기 단계에서, HD를 앓는 대상체는 거의 완전히 또는 완전히 대상체가 더 이상 보행할 수 없고 말할 수 없기 때문에 케어를 위해 다른 것에 거의 완전히 또는 완전히 의존한다. 대상체는 일반적으로 여전히 언어를 이해할 수 있고 가족 및 친구들을 인지하지만 숨가쁨이 주요 문제이다.

[0656] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터를 사용하여 20세 전 및 2세의 어린 시기에 청소년 형태의 HD를 앓는 대상체를 치료하기 위해 사용될 수 있다.

[0657] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터를 사용하여 완전히 침투성 HD를 앓는 대상체를 치료할 수 있고, 상기 침투성 HD에서, HTT 유전자는 41개 이상의 CAG 반복체(예를 들어, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90개 또는 90개 초과의 CAG 반복체)를 갖는다.

[0658] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터를 사용하여 불완전 침투성을 갖는 HD를 앓는 대상체를 치료할 수 있고, HTT 유전자는 36 내지 40개 CAG 반복체(예를 들어, 36, 37, 38, 39 및 40개 CAG 반복체)를 갖는다.

[0659] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터를 사용하여 대상체에서 HTT 단백질을 감소시킬 수 있다. 상기 감소는 독립적으로 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 또는 95% 초과, 5-15%, 5-20%, 5-25%, 5-30%, 5-35%, 5-40%, 5-45%, 5-50%, 5-55%, 5-60%, 5-65%, 5-70%, 5-75%, 5-80%, 5-85%, 5-90%, 5-95%, 10-20%, 10-25%, 10-30%, 10-35%, 10-40%, 10-45%, 10-50%, 10-55%, 10-60%, 10-65%, 10-70%, 10-75%, 10-80%, 10-85%, 10-90%, 10-95%, 15-25%, 15-30%, 15-35%, 15-40%, 15-45%, 15-50%, 15-55%, 15-60%, 15-65%, 15-70%, 15-75%, 15-80%, 15-85%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-35%, 20-40%, 20-45%, 20-50%, 20-55%, 20-60%, 20-65%, 20-70%, 20-75%, 20-80%, 20-85%, 20-90%, 20-95%, 25-35%, 25-40%, 25-45%, 25-50%, 25-55%, 25-60%, 25-65%, 25-70%, 25-75%, 25-80%, 25-85%, 25-90%, 25-95%, 30-40%, 30-45%, 30-50%, 30-55%, 30-60%, 30-65%, 30-70%, 30-75%, 30-80%, 30-85%, 30-90%, 30-95%, 35-45%, 35-50%, 35-55%, 35-60%, 35-65%, 35-70%, 35-75%, 35-80%, 35-85%, 35-90%, 35-95%, 40-50%, 40-55%, 40-60%, 40-65%, 40-70%, 40-75%, 40-80%, 40-85%, 40-90%, 40-95%, 45-55%, 45-60%, 45-65%, 45-70%, 45-75%, 45-80%, 45-85%, 45-90%, 45-95%, 50-60%, 50-65%, 50-70%, 50-75%, 50-80%, 50-85%, 50-90%, 50-95%, 55-65%, 55-70%, 55-75%, 55-80%, 55-85%, 55-90%, 55-95%, 60-70%, 60-75%, 60-80%, 60-85%, 60-90%, 60-95%, 65-75%, 65-80%, 65-85%, 65-90%, 65-95%, 70-80%, 70-85%, 70-90%, 70-95%, 75-85%, 75-90%, 75-95%, 80-90%, 80-95%, 또는 90-95%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 대상체는 HTT 단백질의 50% 감소를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, 대상체는 HTT 단백질의 70% 감소 및 야생형 HTT 단백질의 10% 감소를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 HTT의 감소는 약 40%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 HTT의 감소는 약 40%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵에서 HTT의 감소는 약 30%일 수 있고 피질에서는 약 15%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 HTT의 감소는 약 40%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 HTT의 감소는 40% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 HTT의 감소는 40% 내지 70%일 수 있다.

[0660] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터를 사용하여 대상체에서 야생형 HTT 단백질을 감소시킬 수 있다. 상기 감소는 독립적으로 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 또는 95% 초과, 5-15%, 5-20%, 5-25%, 5-30%, 5-35%, 5-40%, 5-45%, 5-50%, 5-55%, 5-60%, 5-

65%, 5-70%, 5-75%, 5-80%, 5-85%, 5-90%, 5-95%, 10-20%, 10-25%, 10-30%, 10-35%, 10-40%, 10-45%, 10-50%, 10-55%, 10-60%, 10-65%, 10-70%, 10-75%, 10-80%, 10-85%, 10-90%, 10-95%, 15-25%, 15-30%, 15-35%, 15-40%, 15-45%, 15-50%, 15-55%, 15-60%, 15-65%, 15-70%, 15-75%, 15-80%, 15-85%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-35%, 20-40%, 20-45%, 20-50%, 20-55%, 20-60%, 20-65%, 20-70%, 20-75%, 20-80%, 20-85%, 20-90%, 20-95%, 25-35%, 25-40%, 25-45%, 25-50%, 25-55%, 25-60%, 25-65%, 25-70%, 25-75%, 25-80%, 25-85%, 25-90%, 25-95%, 30-40%, 30-45%, 30-50%, 30-55%, 30-60%, 30-65%, 30-70%, 30-75%, 30-80%, 30-85%, 30-90%, 30-95%, 35-45%, 35-50%, 35-55%, 35-60%, 35-65%, 35-70%, 35-75%, 35-80%, 35-85%, 35-90%, 35-95%, 40-50%, 40-55%, 40-60%, 40-65%, 40-70%, 40-75%, 40-80%, 40-85%, 40-90%, 40-95%, 45-55%, 45-60%, 45-65%, 45-70%, 45-75%, 45-80%, 45-85%, 45-90%, 45-95%, 50-60%, 50-65%, 50-70%, 50-75%, 50-80%, 50-85%, 50-90%, 50-95%, 55-65%, 55-70%, 55-75%, 55-80%, 55-85%, 55-90%, 55-95%, 60-70%, 60-75%, 60-80%, 60-85%, 60-90%, 60-95%, 65-75%, 65-80%, 65-85%, 65-90%, 65-95%, 70-80%, 70-85%, 70-90%, 70-95%, 75-85%, 75-90%, 75-95%, 80-90%, 80-95%, 또는 90-95%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 대상체는 야생형 HTT 단백질의 50% 감소를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 야생형 HTT의 감소는 약 40%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 야생형 HTT의 감소는 약 30%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 야생형 HTT의 감소는 약 20%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 야생형 HTT의 감소는 약 15%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 야생형 HTT의 감소는 약 40%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 야생형 HTT의 감소는 약 30%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 야생형 HTT의 감소는 약 20%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 야생형 HTT의 감소는 약 15%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 야생형 HTT의 감소는 약 40% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 야생형 HTT의 감소는 약 30% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 야생형 HTT의 감소는 약 20% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 야생형 HTT의 감소는 약 15% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 야생형 HTT의 감소는 약 40% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 야생형 HTT의 감소는 약 30% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 야생형 HTT의 감소는 약 20% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 야생형 HTT의 감소는 약 15% 내지 70%일 수 있다.

[0661] 하나의 구현예에서, 벡터, 예를 들어, AAV 벡터를 사용하여 대상체에서 돌연변이체 HTT 단백질을 감소시킬 수 있다. 상기 감소는 독립적으로 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 또는 95% 초과, 5-15%, 5-20%, 5-25%, 5-30%, 5-35%, 5-40%, 5-45%, 5-50%, 5-55%, 5-60%, 5-65%, 5-70%, 5-75%, 5-80%, 5-85%, 5-90%, 5-95%, 10-20%, 10-25%, 10-30%, 10-35%, 10-40%, 10-45%, 10-50%, 10-55%, 10-60%, 10-65%, 10-70%, 10-75%, 10-80%, 10-85%, 10-90%, 10-95%, 15-25%, 15-30%, 15-35%, 15-40%, 15-45%, 15-50%, 15-55%, 15-60%, 15-65%, 15-70%, 15-75%, 15-80%, 15-85%, 15-90%, 15-95%, 20-30%, 20-35%, 20-40%, 20-45%, 20-50%, 20-55%, 20-60%, 20-65%, 20-70%, 20-75%, 20-80%, 20-85%, 20-90%, 20-95%, 25-35%, 25-40%, 25-45%, 25-50%, 25-55%, 25-60%, 25-65%, 25-70%, 25-75%, 25-80%, 25-85%, 25-90%, 25-95%, 30-40%, 30-45%, 30-50%, 30-55%, 30-60%, 30-65%, 30-70%, 30-75%, 30-80%, 30-85%, 30-90%, 30-95%, 35-45%, 35-50%, 35-55%, 35-60%, 35-65%, 35-70%, 35-75%, 35-80%, 35-85%, 35-90%, 35-95%, 40-50%, 40-55%, 40-60%, 40-65%, 40-70%, 40-75%, 40-80%, 40-85%, 40-90%, 40-95%, 45-55%, 45-60%, 45-65%, 45-70%, 45-75%, 45-80%, 45-85%, 45-90%, 45-95%, 50-60%, 50-65%, 50-70%, 50-75%, 50-80%, 50-85%, 50-90%, 50-95%, 55-65%, 55-70%, 55-75%, 55-80%, 55-85%, 55-90%, 55-95%, 60-70%, 60-75%, 60-80%, 60-85%, 60-90%, 60-95%, 65-75%, 65-80%, 65-85%, 65-90%, 65-95%, 70-80%, 70-85%, 70-90%, 70-95%, 75-85%, 75-90%, 75-95%, 80-90%, 80-95%, 또는 90-95%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 대상체는 돌연변이체 HTT 단백질의 50% 감소를 가질 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 돌연변이체 HTT의 감소는 약 40%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 돌연변이체 HTT의 감소는 약 30%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 돌연변이체 HTT의 감소는 약 20%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 돌연변이체 HTT의 감소는 약 15%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 돌연변이체 HTT의 감소는 약 40%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 돌연변이체 HTT의 감소는 약 30%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 돌연변이체 HTT의 감소는 약 20%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 돌연변이체 HTT의 감소는 약 15%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 돌연변이체 HTT의 감소는 40% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 돌연변이체 HTT의 감소는 30% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의

중형 돌기 신경세포에서 돌연변이체 HTT의 감소는 20% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 돌연변이체 HTT의 감소는 15% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵 및 피질에서 돌연변이체 HTT의 감소는 40% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 돌연변이체 HTT의 감소는 30% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 돌연변이체 HTT의 감소는 20% 내지 70%일 수 있다. 비제한적인 예로서, 피핵의 중형 돌기 신경세포에서 돌연변이체 HTT의 감소는 15% 내지 70%일 수 있다.

[0662] 본 발명의 AAV 벡터는 치료를 필요로 하는 대상체에서 헌팅톤 질환을 치료하는 방법으로서 사용될 수 있다. 치료를 필요로 하는 대상체를 한정하기 위한 당업계에 공지된 임의의 방법은 상기 대상체(들)을 동정하기 위해 사용될 수 있다. 대상체는 헌팅톤 질환의 임상 진단을 가질 수 있거나 증상전일 수 있다. 인지 평가 및/또는 신경학적 또는 신경정신병학적 검사, 운동 시험, 감각 시험, 정신의학적 평가, 뇌 이미지화, 가족력 및/또는 유전학적 시험을 포함하지만 이에 제한되지 않는 HD를 진단하기 위한 임의의 공지된 방법이 사용될 수 있다.

[0663] 하나의 구현예에서, HD 대상체 선택은 헌팅톤 질환에 대한 예후 지수, 또는 이의 파생 지수를 사용하여 결정된다(문헌참조: Long JD et al., *Movement Disorders,* 2017, 32(2), 256-263, 이의 내용은 이들의 전문이 본원에 참조로 인용된다). 상기 예후 지수는 운동 진단의 가능성을 예측하기 위해 4개의 요소를 사용한다: (1) 통일된 헌팅톤 질환 평가 척도(UHDRS)로부터 총 운동 스코어 (TMS), (2) 부호 숫자 양상 시험(Symbol Digit Modality Test) (SDMT), (3) 기준 연령, 및 (4) 사이토신-아데닌-구아닌 (CAG) 확장.

[0664] 하나의 구현예에서, 헌팅톤 질환에 대한 예후 지수는 하기의 식으로 계산된다: PI_{HD} = 51 x TMS+ (-34) x SDMT + 7 x 연령 x (CAG-34)(여기서, PI_{HD}에 대한 보다 큰 값은 진단 또는 증상 발병의 보다 큰 위험을 지적한다)

[0665] 또 다른 구현예에서, 헌팅톤 질환에 대한 예후 지수는 50% 10년 생존과 관련된 것으로 해석될 표준 편차 유닛을 제공하는 하기의 일반 수학식으로 계산된다: PIN_{HD} = (PI_{HD} - 883)/1044(여기서, PIN_{HD} < 0은 50% 10년 초과의 생존을 지적하고, PIN_{HD} > 0은 50% 미만의 10년 생존을 시사한다)

[0666] 하나의 구현예에서, 예후 지수를 사용하여 수년 이내에 HD의 증상을 나타낼 것이지만 아직 임상적으로 진단할 수 있는 증상을 갖지 않는 대상체를 동정하기 위해 사용될 수 있다. 추가로, 이들 무증상 환자들은 무증상 기간 동안에 본 발명의 AAV 벡터 및 조성물을 사용하는 치료를 위해 선택될 수 있고 상기 치료를 받을 수 있다.

[0667] **V. 정의**

[0668] 달리 기재되지 않는 경우, 하기의 용어 및 문장은 하기된 의미를 갖는다. 상기 정의는 본래에 제한하는 것으로 의미되지 않고 본 발명의 특정 양상의 보다 명백한 이해를 위해 제공된다.

[0669] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "핵산", "폴리뉴클레오타이드" 및 "올리고뉴클레오타이드"는 폴리데옥시리보뉴클레오타이드(2-데옥시-D-리보스를 함유하는), 또는 폴리리보뉴클레오타이드 (D-리보스를 함유하는) 중 어느 하나, 또는 퓨린 또는 피리미딘 염기, 또는 변형된 퓨린 또는 피리미딘 염기의 N 글리코사이드인 임의의 다른 유형의 폴리뉴클레오타이드로 구성되는 임의의 핵산 중합체를 언급한다. 용어 "핵산", "폴리뉴클레오타이드" 및 "올리고뉴클레오타이드" 간에 길이를 구분하기 위한 것으로 의도되지 않고, 이들 용어는 상호교환적으로 사용된다. 이들 용어는 단지 분자의 1차 구조를 언급한다. 따라서, 이들 용어는 이중 가닥 및 단일 가닥의 DNA, 및 이중 가닥 및 단일 가닥의 RNA를 포함한다.

[0670] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "RNA" 또는 "RNA 분자" 또는 "리보핵산 분자"는 리보뉴클레오타이드 중합체를 언급하고; 용어 "DNA" 또는 "DNA 분자" 또는 "데옥시리보핵산 분자"는 데옥시리보뉴클레오타이드 중합체를 언급한다. DNA 및 RNA는 천연적으로 예를 들어, 각각 DNA 복제 및 DNA의 전사에 의해 합성될 수 있거나; 화학적으로 합성될 수 있다. DNA 및 RNA는 단일 가닥(즉, 각각 ssRNA 또는 ssDNA) 또는 다중-가닥(예를 들어, 이중 가닥, 즉, 각각 dsRNA 및 dsDNA)일 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은 용어 "mRNA" 또는 "전령 RNA"는 하나 이상의 폴리펩타이드 쇄의 아미노산 서열을 암호화하는 단일 가닥 RNA를 언급한다.

[0671] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "RNA 간섭" 또는 "RNAi"는 상응하는 단백질-암호화 유전자의 발현의 저해 또는 간섭 또는 "사일런싱"을 유도하는 RNA 분자에 의해 매개되는 서열 특이적 조절 기전을 언급한다. RNAi는 식물, 동물 및 진균류를 포함하는 많은 유형의 유기체에서 관찰되었다. RNAi는 본래에 외래 RNA (예를 들어, 바이러스 RNA)를 제거하기 위해 세포에 존재한다. 천연 RNAi는 다른 유사한 RNA 서열로의 분해 기작을 지시하는 유리된 dsRNA로부터 절단된 단편을 통해 진행한다. RNAi는 RNA-유도된 사일런싱 복합체 (RISC)에 의해 조절되고 세포질에서 짧고/작은 dsRNA 분자에 의해 개시되고, 여기서 이들은 촉매 RISC 성분 아르고나우트와 상호작용한다.

dsRNA 분자는 외인성으로 세포에 도입될 수 있다. 외인성 dsRNA는 dsRNA와 결합하고 이를 절단하여 각각의 말단 상에 약간의 쌍을 이루지 않은 오버행 염기를 갖는 21 내지 25개 염기쌍의 이중 가닥 단편을 생성하는 리보뉴클레아제 단백질 다이서를 활성화시킴에 의해 RNAi를 개시한다. 이들 짧은 이중 가닥 단편은 소형 간섭 RNA(siRNA)로 불리운다.

[0672] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "짧은 간섭 RNA", "소형 간섭 RNA" 또는 "siRNA"는 RNAi를 지시하거나 매개할 수 있는 약 5 내지 60개 뉴클레오타이드 (또는 뉴클레오타이드 유사체)를 포함하는 RNA 분자 (또는 RNA 유사체)를 언급한다. 바람직하게, siRNA 분자는 약 15 내지 30개 뉴클레오타이드 또는 뉴클레오타이드 유사체, 예를 들어, 약 16 내지 25개 뉴클레오타이드 (또는 뉴클레오타이드 유사체), 약 18 내지 23개 뉴클레오타이드 (또는 뉴클레오타이드 유사체), 약 19 내지 22개 뉴클레오타이드 (또는 뉴클레오타이드 유사체) (예를 들어, 19, 20, 21 또는 22개 뉴클레오타이드 또는 뉴클레오타이드 유사체), 약 19 내지 25개 뉴클레오타이드 (또는 뉴클레오타이드 유사체), 및 약 19 내지 24개 뉴클레오타이드 (또는 뉴클레오타이드 유사체)를 포함한다. 용어 "짧은" siRNA는 5 내지 23개 뉴클레오타이드, 바람직하게 21개 뉴클레오타이드 (또는 뉴클레오타이드 유사체), 예를 들어, 19, 20, 21 또는 22개 뉴클레오타이드를 포함하는 siRNA를 언급한다. 용어 "긴" siRNA는 24 내지 60개 뉴클레오타이드, 바람직하게 약 24-25개 뉴클레오타이드, 예를 들어, 23, 24, 25 또는 26개 뉴클레오타이드를 포함하는 siRNA를 언급한다. 짧은 siRNA는 일부 경우에 19개 미만의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 16, 17 또는 18개 뉴클레오타이드, 또는 5개 정도로 적은 뉴클레오타이드를 포함할 수 있고, 단 상기 보다 짧은 siRNA도 RNAi를 매개하는 능력을 보유한다. 또한, 긴 siRNA는 일부 경우에 26개 초과의 뉴클레오타이드, 예를 들어, 27, 28, 29, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 또는 심지어 60개 뉴클레오타이드를 포함할 수 있고, 단 보다 긴 siRNA도 RNAi 또는 추가의 프로세싱이 없는 번역 저해, 예를 들어, 짧은 siRNA로의 효소적 프로세싱을 를 매개하는 능력을 보유한다. siRNA는 단일 가닥 RNA 분자 (ss-siRNA) 또는 하이브리드화하여 siRNA 듀플렉스로 불리우는 듀플렉스 구조를 형성하는 센스 가닥 및 안티센스 가닥을 포함하는 이중 가닥 RNA 분자 (ds-siRNA)일 수 있다.

[0673] 본원에 사용된 바와 같은, 용어 siRNA 분자의"안티센스 가닥" 또는 "제1 가닥" 또는 "가이드 가닥"은 약 10 내지 50개 뉴클레오타이드, 예를 들어, 사일런싱을 위해 표적화된 유전자의 mRNA의 약 15 내지 30개, 16 내지 25개, 18 내지 23개 또는 19 내지 22개 뉴클레오타이드 섹션에 실질적으로 상보적인 가닥을 언급한다. 안티센스 가닥 또는 제1 가닥은 RNAi 기구 또는 프로세스에 의해 목적하는 표적 mRNA의 파괴를 유발하기에 충분히 상보성으로 표적-특이적 사일런싱을 지시하기 위해 목적하는 표적 mRNA 서열에 충분히 상보적인 서열을 갖는다.

[0674] 본원에 사용된 바와 같은 용어 siRNA 분자의"센스 가닥" 또는 "제2 가닥" 또는 "패신저 가닥"은 안티센스 가닥 또는 제1 가닥에 상보적인 가닥을 언급한다. siRNA 분자의 안티센스 및 센스 가닥은 듀플렉스 구조를 형성하기 위해 하이브리드화한다. 본원에 사용된 바와 같은 "siRNA 듀플렉스"는 사일런싱을 위해 표적화된 유전자 mRNA의 약 10 내지 50개 뉴클레오타이드의 섹션에 충분한 상보성을 갖는 siRNA 가닥 및 다른 siRNA 가닥과 듀플렉스를 형성하기에 충분한 상보성을 갖는 siRNA 가닥을 포함한다.

[0675] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "상보성"은 폴리뉴클레오타이드가 서로 염기쌍을 형성하는 능력을 언급한다. 염기쌍은 전형적으로 역평행 폴리뉴클레오타이드 가닥에서 뉴클레오타이드 유닛 간의 수소 결합에 의해 형성된다. 상보성 폴리뉴클레오타이드 가닥은 왓슨-크릭 방식 (예를 들어, A와 T, A와 U, C와 G)으로 또는 듀플렉스의 형성을 가능하게하는 임의의 다른 방식으로 염기쌍을 형성할 수 있다. 당업자가 알고 있는 바와 같이, DNA와 반대되는 RNA를 사용하는 경우, 티민 보다는 우라실이 아데노신에 상보적인 것으로 고려되는 염기이다. 그러나, U가 본 발명과 관련하여 지칭되는 경우, 달리 기재되지 않는 경우 T를 치환하는 능력이 의미된다. 완전한 상보성 또는 100% 상보성은 하나의 폴리뉴클레오타이드 가닥의 각각의 뉴클레오타이드 유닛이 제2 뉴클레오타이드 가닥의 뉴클레오타이드 유닛과 수소 결합을 형성할 수 있는 상황을 언급한다. 완전한 것 미만의 상보성은 2개의 가닥의 전부가 아닌 일부 뉴클레오타이드가 서로 수소 결합을 형성할 수 있는 상황을 언급한다. 예를 들어, 2개의 20량체에 대해, 각각의 가닥 상에 단지 2개의 염기쌍이 서로 수소 결합을 형성할 수 있는 경우, 폴리뉴클레오타이드 가닥은 10% 상보성을 나타낸다. 동일한 예에서, 각각의 가닥 상의 18개 염기쌍이 서로 수소 결합을 형성할 수 있는 경우, 폴리뉴클레오타이드 가닥은 90% 상보성을 나타낸다.

[0676] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "실질적으로 상보성"은 siRNA가 목적하는 표적 mRNA에 결합하고 표적 mRNA의 RNA 사일런싱을 유발하기에 충분한 서열(예를 들어, 안티센스 가닥에서)을 가짐을 의미한다.

[0677] 본원에 사용된 바와 같은 "표적화"는 표적 핵산에 하이브리드화하여 목적하는 효과를 유도하는 핵산 서열의 디자인 및 선택 프로세스를 의미한다.

[0678] 용어 "유전자 발현"은 이에 의해 핵산 서열이 성공적인 전사 및 대부분의 경우에 단백질 또는 펩타이드를 생산

하기 위한 해독을 진행하는 프로세스를 언급한다. 명료하게 하기 위해, "유전자 발현"의 측정을 언급하는 경우, 이것은 측정이 전사의 핵산 생성물, 예를 들어, RNA 또는 mRNA에 대한 것이거나 번역의 아미노산 생성물, 예를 들어, 폴리펩타이드 또는 펩타이드에 대한 것일 수 있음을 의미하는 것으로 이해되어야만 한다. RNA, mRNA, 폴리펩타이드 및 펩타이드의 양 또는 수준을 측정하는 방법은 당업계에 널리 공지되어 있다.

[0679] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "돌연변이"는 후속 세대로 전달될 수 있는 변이체 (또는 "돌연변이체"로 불리우는) 형태를 유도하는, 유전자 구조의 임의의 변화를 언급한다. 유전자내 돌연변이는 DNA 내 단일 염기의 변형, 또는 유전자 또는 염색체의 보다 큰 섹션의 결실, 삽입 또는 재배열에 의해 유발될 수 있다.

[0680] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "벡터"는 본 발명의 siRNA 분자와 같은 이종성 분자를 수송하거나, 형질도입하거나 다르게는 상기 이종성 분자의 캐리어로 작용하는 임의의 분자 또는 모이어티를 의미한다. "바이러스 벡터"는 목적하는 분자, 예를 들어, 전이유전자를 암호화하거나 포함하는 하나 이상의 폴리뉴클레오타이드 영역, 폴리펩타이드 또는 다중-폴리펩타이드를 암호화하는 폴리뉴클레오타이드 또는 소형 간섭 RNA(siRNA)와 같은 조절 핵산을 포함하는 벡터이다. 바이러스 벡터는 통상적으로 유전자 물질을 세포에 전달하기 위해 사용된다. 바이러스 벡터는 흔히 특정 적용을 위해 변형된다. 바이러스 벡터의 유형은 레트로바이러스 벡터, 렌티바이러스 벡터, 아데노바이러스 벡터 및 아데노-관련 바이러스 벡터를 포함한다.

[0681] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "아데노-관련 바이러스" 또는 "AAV" 또는 "AAV 벡터"는 아데노-관련 벡터의 성분들을 포함하거나 이로부터 유래하고 포유동물 세포, 바람직하게 사람 세포를 감염시키기에 적합한 임의의 벡터를 언급한다. 용어 AAV 벡터는 전형적으로 siRNA 듀플렉스를 암호화하는 핵산을 포함하는 AAV 유형의 바이러스 입자 또는 비리온을 지칭한다. AAV 벡터는 혈청형(즉, "슈도타입된" AAV)의 조합을 포함하는 다양한 혈청형으로부터 또는 다양한 게놈(예를 들어, 단일 가닥 또는 자가-상보성)으로부터 유래될 수 있다. 추가로, AAV 벡터는 복제 결함 및/또는 표적화될 수 있다.

[0682] 본원에 사용된 바와 같은 문장 "유전자의 발현을 저해한다"는 유전자의 발현 생성물의 양의 감소를 유발함을 의미한다. 발현 생성물은 유전자로부터 전사된 RNA 분자(예를 들어, mRNA) 또는 유전자로부터 전사된 mRNA로부터 번역된 폴리펩타이드일 수 있다. 전형적으로 mRNA의 수준에서의 감소는 이로부터 번역된 폴리펩타이드의 수준에서의 감소를 유발한다. 발현 수준은 mRNA 또는 단백질을 측정하기 위한 표준 기술을 사용하여 결정될 수 있다.

[0683] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "시험관내"는 유기체 (예를 들어, 동물, 식물 또는 미생물) 내에서 보다는 차라리 인공 환경, 예를 들어, 시험 튜브 또는 반응 용기에서, 세포 배양물에서 일, 페트리 디쉬 등에서 일어나는 반응을 언급한다.

[0684] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "생체내"는 유기체 (예를 들어, 동물, 식물 또는 미생물 또는 세포 또는 이의 조직)내에서 일어나는 반응을 언급한다.

[0685] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "변형된"은 본 발명의 분자의 변화된 상태 또는 구조를 언급한다. 분자는 화학적으로, 구조적으로 및 기능적으로를 포함하는 많은 방식으로 변형될 수 있다.

[0686] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "합성"은 사람의 소에 의해 생산되고, 제조되고/되거나 제작됨을 의미한다. 본 발명의 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드 또는 다른 분자의 합성은 화학적 또는 효소적일 수 있다.

[0687] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "형질감염"은 외인성 핵산을 세포에 도입하기 위한 방법을 언급한다. 형질감염 방법은 화학적 방법, 물리적 처리 및 양이온성 지질 또는 혼합물을 포함하지만 이에 제한되지 않는다. 세포에 형질감염될 수 있는 제제의 목록은 대형이고 siRNA, 센스 및/또는 안티-센스 서열, 하나 이상의 유전자를 암호화하고 발현 플라스미드에 구성되는 DNA, 단백질, 단백질 단편 등을 포함하지만 이에 제한되지 않는다.

[0688] 본원에 사용된 바와 같은 "오프 표적"은 임의의 하나 이상의 표적, 유전자 또는 세포 전사체에 대한 의도되지 않는 효과를 언급한다.

[0689] 본원에 사용된 바와 같은 문장 "약제학적으로 허용되는"은 본원에서 완전한 의학적 판단 범위 내에서, 합리적 이득/위험 비율에 준하여, 과도한 독성, 자극, 알레르기 반응, 또는 다른 문제 또는 합병증 없이 사람 및 동물의 조직과 접촉시켜 사용하기에 적합한 화합물, 물질, 조성물 및/또는 투여 형태를 언급하기 위해 사용된다.

[0690] 본원에 사용된 바와 같은 용어 제제의 "유효량"은 이롭거나 목적하는 결과, 예를 들어, 임상적 결과를 나타내기에 충분한 양이고 이와 같이 "유효량"은 이것이 적용되는 배경에 의존한다. 예를 들어, HD를 치료하는 제제를 투여하는 것과 관련하여, 제제의 유효량은 예를 들어, 제제의 투여 없이 수득된 반응과 비교하여, 본원에 정의

된 바와 같이 HD의 치료를 성취하기에 충분한 양이다.

[0691] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "치료학적 유효량"은 감염, 질환, 장애 및/또는 병태를 앓거나 이에 민감한 대상체에게 투여되는 경우, 감염, 질환, 장애 및/또는 병태의 증상을 치료하고, 개선하고, 진단하고, 예방하고/하거나 이의 발병을 지연시키기 위해 충분한, 전달될 제제(예를 들어, 핵산, 약물, 치료제, 진단제, 예방제 등)의 양을 의미한다.

[0692] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "대상체"또는 "환자"는 본 발명에 따른 조성물이 예를 들어, 실험, 진단, 예방 및/또는 치료학적 목적을 위해 투여될 수 있는 임의의 유기체를 언급한다. 전형적 대상체는 동물 (예를 들어, 마우스, 래트, 토끼, 비-사람 영장류, 예를 들어, 침팬지 및 다른 유인원 및 몽키 종, 및 사람) 및또는 식물을 포함한다.

[0693] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "예방하는" 또는 "예방"은 수주, 수개월 또는 수년 동안 병태 또는 질환의 개시, 발병 또는 진행을 지연시키거나 방지함을 언급한다.

[0694] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "치료" 또는 "치료하는"은 질환의 치유 또는 개선시키기 위해 사용되는 하나 이상의 특정 과정의 적용을 언급한다. 특정 구현예에서, 특정 과정은 하나 이상의 약제학적 제제의 투여이다. 본 발명과 관련하여, 특정 과정은 하나 이상의 siRNA 분자의 투여이다.

[0695] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "개선" 또는 "개선하는"은 병태 또는 질환의 적어도 하나의 지표의 중증도의 감소를 언급한다. 예를 들어, 신경변성 장애와 관련하여, 개선은 신경세포 손실 감소를 포함한다.

[0696] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "투여하는"은 대상체에게 약제학적 제제 또는 조성물을 제공함을 언급한다.

[0697] 본원에 사용된 바와 같은 용어 "신경변성"은 신경세포사를 유도하는 병리학적 상태를 언급한다. 대다수의 신경학적 장애는 통상의 생리학적 상태로서 신경변성을 공유한다. 예를 들어, 알츠하이머 질환, 파킨슨 질환, 헌팅톤 질환, 및 근위축성측색경화증(ALS) 모두는 만성 신경변성을 유발하고, 이는 수년의 기간 동안 서서히 진행되는 신경세포사를 특징으로 하는 반면, 급성 신경변성은 허혈, 예를 들어, 뇌졸증, 또는 외상, 예를 들어, 외상뇌 손상의 결과로서, 또는 예를 들어, 척수 손상 또는 다발성 경화증에 유발되는 탈수초화 또는 외상에 의한 축삭돌기 횡절단의 결과로서 갑작스런 신경세포사의 개시를 특징으로 한다. 일부 신경학적 장애에서, 신경세포의 주요 하나의 유형이 변성이고, 예를 들어, 조기 HD에서 중형 돌기 신경 변성이다.

[0698] **VI. 등가물 및 범위**

[0699] 당업자는 단지 통상의 실험을 사용하여 본원에 기재된 본 발명에 따른 특정 구현예에 대한 많은 등가물을 인지하거나 확인할 수 있다. 본 발명의 범위는 상기 기재사항으로 제한되는 것으로 의도되지 않고 차라리 첨부된 특허청구범위에 제시된바와 같다.

[0700] 특허청구범위에서, "a," "an," 및 "the"와 같은 관사는 반대로 지적되지 않거나 다른 내용으로부터 명백하지 않는 경우 하나 또는 하나 초과를 의미할 수 있다. 그룹의 하나 이상의 구성원 사이에 "또는"을 포함하는 특허청구범위 또는 기재사항은 다르게 지적되지 않는 경우 또는 내용으로부터 달리 명백하지 않는 경우, 그룹 구성원 중 하나, 하나 초과 또는 전부가 소정의 생성물 또는 프로세스에 존재하거나, 여기에 사용되되거나 다르게 관련된 경우 충족되는 것으로 고려된다. 본 발명은 그룹의 정확하게 하나의 구성원이 소정의 생성물 또는 프로세스에 존재하거나, 여기에 사용되거나 다르게 관련된 구현예를 포함한다. 본 발명은 하나 초과 또는 전체 그룹 구성원이 소정의 생성물 또는 프로세스에 존재하거나, 여기에 사용되거나 다르게 관련된 구현예를 포함한다.

[0701] 또한 용어 "포함하는"이 개방형이고 허용되는 것으로 의도되지만 추가의 요소들 또는 단계들의 내포를 요구하지 않는 것으로 주지된다. 용어 "포함하는"이 본원에 사용되는 경우, 용어 "로 이루어진"이 또한 포함되고 기재된다.

[0702] 범위가 주어진 경우, 종점이 포함된다. 추가로, 달리 지적되지 않거나 내용 및 당업자의 이해로부터 명백하지 않는 경우, 범위로서 표현되는 값은 임의의 본 발명의 상이한 구현예에서 기재된 범위 내 임의의 특정 범위 또는 서브범위, 달리 명백하게 지적되지 않는 경우 범위의 하한치의 유닛의 10분의 1을 추정할 수 있는 것으로 이해되어야만 한다.

[0703] 추가로, 선행 기술 내에 있는 본 발명의 임의의 특정 구현예는 청구항의 임의의 하나 이상으로부터 명백히 배제될 수 있는 것으로 이해되어야만 한다. 상기 구현예는 당업자에게 공지된 것으로 간주되기 때문에 이들은 배제가 본원에서 기재되지 않는 경우에도 배제될 수 있다. 본 발명의 조성물의 임의의 특정 구현예(예를 들어,

임의의 항생제, 치료제 또는 활성 성분; 임의의 생산 방법; 사용 방법 등)는 선행 기술의 존재와 관련되는지에 상관 없이 임의의 이유 때문에 임의의 하나 이상의 청구항으로부터 배제될 수 있다.

[0704] 사용된 용어가 제한 보다는 기재를 위한 용어이고 변화는 이의 광범위한 양상에서 발명의 진정한 범위 및 취지로부터 벗어나는 것 없이 첨부된 특허청구범위의 이해 범위내에서 만들어질 수 있는 것으로 이해되어야만 한다.

[0705] 본 발명은 여러 기재된 구현예와 관련하여 일부 범위 및 일부 특정하게 기재되었지만, 이것이 임의의 특정 사항 또는 구현예 또는 임의의 특정 구현예로 제한되어야만 하는 것으로 의도되지 않고 첨부된 특허청구범위를 참조하여 선행 기술 분야의 관점에서 상기 특허청구범위의 가능한 가장 광범위한 해석을 제공함에 따라서 본 발명의 의도된 범위를 효과적으로 포괄하는 것으로 해석되어야만 한다.

[0706] **VII. 실시예**

[0707] **실시예 1. HEK293T 및 HeLa 세포에서 작제물의 활성**

[0708] *A. 형질감염*

[0709] AAV-miRNA 발현 벡터는 HEK293T 및 HeLa 세포내로 형질감염시켰다. mCherry-처리된 세포 및 비처리된 세포를 또한 평가하였다. 48시간 후, 상대적 HTT mRNA 발현을 결정하였다. 상대적 HTT mRNA 발현은 HTT mRNA 수준을 하우스키핑 유전자 mRNA 수준으로 규정화함에 의해 수득하였고; 상기 규정된 HTT mRNA 수준은 이어서 qRT-PCR에 의한 결정시 mCherry-처리되고/되거나 비처리된 세포 내 규정된 HTT mRNA 수준과 비교하여 표현하였다. 상기 결과는 표 12 내지 14에 나타낸다.

[0710] [표 12]

형질감염 후 HEK293T 및 HeLa 세포에서 HTT mRNA 억제, 세트 I

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준	
			HEK293T 세포	HeLa 세포
VOYHTmiR-102.219.n	D-3513	288	0.65	0.8
VOYHTmiR-102.894	D-3520	299	0.55	0.76
VOYHTmiR-102.579	D-3548	341	0.47	0.5
VOYHTmiR-104.219.n	D-3514	289	0.6	0.78
VOYHTmiR-104.894	D-3521	300	0.64	0.75
VOYHTmiR-104.579	D-3549	342	0.5	0.51
VOYHTmiR-109.219.n	D-3513	290	0.63	0.75
VOYHTmiR-109.894	D-3520	301	0.7	-
VOYHTmiR-109.579	D-3548	343	0.55	0.52
VOYHTmiR-116.219.n	D-3515	291	0.63	0.75
VOYHTmiR-116.894	D-3523	303	0.65	0.6
VOYHTmiR-116.579	D-3551	345	0.63	0.65
VOYHTmiR-114.219	D-3511	285	0.6	0.65
VOYHTmiR-114.894	D-3522	302	0.6	0.6
VOYHTmiR-114.579	D-3550	344	0.57	0.45
VOYHTmiR-127.219.n	D-3513	292	0.85	0.9
VOYHTmiR-127.894	D-3520	304	0.58	0.5
VOYHTmiR-127.579	D-3548	346	0.5	0.45
mcherry	N/A	-	1.0	1.0
비처리된	N/A	-	0.8	1.2

[0711]

[0712] [표 13]

형질감염 후 HEK293T 및 HeLa 세포에서 HTT mRNA 억제, 세트 II

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준	
			HEK293T 세포	HeLa 세포
VOYHTmiR-102.016	D-3544	335	0.36	0.84
VOYHTmiR-102.214	D-3500	270	0.42	0.88
VOYHTmiR-102.218	D-3505	276	0.31	0.68
VOYHTmiR-102.372	D-3528	311	0.39	0.73
VOYHTmiR-102.425	D-3532	317	0.36	0.72
VOYHTmiR-102.907	D-3524	305	0.43	0.75
VOYHTmiR-102.257	D-3516	293	0.4	0.7
VOYHTmiR-104.016	D-3545	336	0.28	0.5
VOYHTmiR-104.214	D-3501	271	0.55	0.91
VOYHTmiR-104.218	D-3506	277	0.39	0.82
VOYHTmiR-104.372	D-3529	312	0.38	0.74
VOYHTmiR-104.425	D-3533	318	0.4	0.7
VOYHTmiR-104.907	D-3525	306	0.31	0.65
VOYHTmiR-104.257	D-3517	294	0.32	0.64
VOYHTmiR-109.016	D-3546	337	0.28	0.5
VOYHTmiR-109.214	D-3502	272	0.51	0.85
VOYHTmiR-109.218	D-3507	278	0.38	0.7
VOYHTmiR-109.372	D-3530	313	0.42	0.72
VOYHTmiR-109.425	D-3534	319	00.31	0.64
VOYHTmiR-109.907	D-3526	307	0.36	0.68
VOYHTmiR-109.257	D-3518	295	0.41	0.72
VOYHTmiR-114.016	D-3547	338	0.3	0.68
VOYHTmiR-114.214	D-3503	273	0.42	0.84
VOYHTmiR-114.218	D-3508	279	0.38	0.75
VOYHTmiR-114.372	D-3531	314	0.39	0.75
VOYHTmiR-114.425	D-3535	320	0.36	0.7
VOYHTmiR-114.907	D-3527	308	0.4	0.61
VOYHTmiR-114.257	D-3519	296	0.42	0.73
VOYHTmiR-116.016	D-3546	339	0.38	0.62
VOYHTmiR-116.214	D-3502	274	0.5	0.87
VOYHTmiR-116.218	D-3507	280	0.38	0.75
VOYHTmiR-116.372	D-3530	315	0.42	0.73
VOYHTmiR-116.425	D-3534	321	0.43	0.85
VOYHTmiR-116.907	D-3526	309	0.4	0.68
VOYHTmiR-116.257	D-3518	297	0.4	0.77
VOYHTmiR-127.016	D-3546	340	0.29	0.4
VOYHTmiR-127.214	D-3504	275	0.75	1.08
VOYHTmiR-127.218	D-3507	281	0.38	0.52
VOYHTmiR-127.372	D-3530	316	0.39	0.5
VOYHTmiR-127.425	D-3534	322	0.37	0.54
VOYHTmiR-127.907	D-3526	310	0.39	0.67
VOYHTmiR-127.257	D-3518	298	0.38	0.45
mcherry	N/A	-	0.8	1.0
비처리된	N/A	-	0.75	0.98

[0713]

[0714] [표 14]

형질감염 후 HEK293T 및 HeLa 세포에서 HTT mRNA 억제, 세트 III

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준	
			HEK293T 세포	HeLa 세포
VOYHTmiR-104.579	D-3549	342	0.18	0.62
VOYHTmiR-104.579.1	D-3566	347	0.15	0.58
VOYHTmiR-104.579.2	D-3566	348	0.18	0.5
VOYHTmiR-104.579.3	D-3566	349	0.15	0.52
VOYHTmiR-104.579.4	D-3566	350	0.15	0.48
VOYHTmiR-104.579.5	D-3569	367	0.16	0.8
VOYHTmiR-104.579.6	D-3566	351	0.11	0.5
VOYHTmiR-104.579.7	D-3567	352	0.19	0.65
VOYHTmiR-104.579.8	D-3568	353	0.2	0.6
VOYHTmiR-104.579.9	D-3566	354	0.19	0.73
VOYHTmiR-104.579.10	D-3570	368	0.34	0.7
mcherry	N/A	-	1.0	1.0

[0715]

[0716] *B. 감염*

[0717] AAV-miRNA 발현 벡터는 HEK293T 및 HeLa 세포의 감염을 위해, AAV2 (AAV2-miRNA 발현 벡터로서 언급됨)에 패키징하거나 mCherry 벡터는 AAV2에 패키징하였다. 비처리된 세포를 또한 평가하였다. AAV2 입자는 1E4 또는 1E5 vg/세포의 MOI로 HEK293T 세포를 감염시키고 1E5 vg/세포의 MOI로 HeLa 세포를 감염시키기 위해 사용하였다.

[0718] HTT의 상대적 발현은 AAV-miRNA 발현 벡터 감염 후 24시간 째에 HeLa 세포에서 결정하였다. 상대적 HTT mRNA 발현은 HTT mRNA 수준을 하우스키핑 유전자 mRNA 수준으로 규정화함에 의해 수득하였고; 상기 규정된 HTT mRNA 수준은 이어서 qRT-PCR에 의한 결정시 mCherry-처리되고/되거나 비처리된 세포 내 규정된 HTT mRNA 수준과 비교하

여 표현하였다. 상기 결과는 표 15 내지 18에 나타낸다. HeLa 세포의 감염은 1E5 vg/세포의 MOI (표 15-17)에서 또는 1E4 vg/세포의 MOI(표 18)에서 하였다.

[0719] HTT의 상대적 발현은 AAV-miRNA 발현 벡터 감염 후 24시간 째에 HEK293T 세포에서 결정하였다. 상대적 HTT mRNA 발현은 HTT mRNA 수준을 하우스키핑 유전자 mRNA 수준으로 규정화함에 의해 수득하였고; 상기 규정된 HTT mRNA 수준은 이어서 qRT-PCR에 의한 결정시 mCherry-처리되고/되거나 비처리된 세포 내 규정된 HTT mRNA 수준과 비교하여 표현하였다. 상기 결과는 표 15, 17 및 18에 나타낸다. HEK293T 세포의 감염은 1E5 vg/세포의 MOI (표 15 및 17)에서 또는 1E4 vg/세포의 MOI(표 18)에서 하였다.

[0720] [표 15]

1E5/세포의 MOI 에서 AAV2-miRNA 발현 벡터의 감염 후 HEK293T 및 HeLa 세포에서 HTT mRNA 억제

[0721]

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준	
			HEK293T 세포	HeLa 세포
VOYHTmiR-102.219.n	D-3513	288	0.8	0.79
VOYHTmiR-102.894	D-3520	299	0.7	0.71
VOYHTmiR-102.579	D-3548	341	0.49	0.7
VOYHTmiR-104.219.n	D-3514	289	0.9	0.81
VOYHTmiR-104.894	D-3521	300	0.8	0.71
VOYHTmiR-104.579	D-3549	342	0.4	0.48
VOYHTmiR-109.219.n	D-3513	290	0.79	0.8
VOYHTmiR-109.894	D-3520	301	0.6	0.71
VOYHTmiR-109.579	D-3548	343	0.58	0.61
VOYHTmiR-116.219.n	D-3515	291	0.95	0.81
VOYHTmiR-116.894	D-3523	303	0.75	0.75
VOYHTmiR-116.579	D-3551	345	0.5	0.7
VOYHTmiR-114.219	D-3511	285	0.74	0.81
VOYHTmiR-114.894	D-3522	302	0.6	0.75
VOYHTmiR-114.579	D-3550	344	0.43	0.61
VOYHTmiR-127.219.n	D-3513	292	0.93	0.9
VOYHTmiR-127.894	D-3520	304	0.5	0.6
VOYHTmiR-127.579	D-3548	346	0.31	0.4
mCherry	N/A	-	1.0	1.0
비처리된	N/A	-	0.9	0.9

[0722] [표 16]

1E5/세포의 MOI 에서 AAV2-miRNA 발현 벡터의 감염 후 HeLa 세포에서 HTT mRNA 억제

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준
			HeLa 세포
VOYHTmiR-102.016	D-3544	335	0.52
VOYHTmiR-102.214	D-3500	270	0.9
VOYHTmiR-102.218	D-3505	276	0.88
VOYHTmiR-102.372	D-3528	311	0.89
VOYHTmiR-102.425	D-3532	317	0.8
VOYHTmiR-102.907	D-3524	305	0.74
VOYHTmiR-102.257	D-3516	293	0.79
VOYHTmiR-104.016	D-3545	336	0.57
VOYHTmiR-104.218	D-3506	277	0.79
VOYHTmiR-104.372	D-3529	312	0.79
VOYHTmiR-104.425	D-3533	318	0.67
VOYHTmiR-104.907	D-3525	306	0.71
VOYHTmiR-104.257	D-3517	294	0.72
VOYHTmiR-109.016	D-3546	337	0.6
VOYHTmiR-109.218	D-3507	278	0.83
VOYHTmiR-109.372	D-3530	313	0.85
VOYHTmiR-109.425	D-3534	319	0.75
VOYHTmiR-109.907	D-3526	307	0.8
VOYHTmiR-109.257	D-3518	295	0.9
VOYHTmiR-114.016	D-3547	338	0.68
VOYHTmiR-114.214	D-3503	273	0.99
VOYHTmiR-114.372	D-3531	314	0.85
VOYHTmiR-116.016	D-3546	339	0.59
VOYHTmiR-116.218	D-3507	280	0.81
VOYHTmiR-127.016	D-3546	340	0.3
VOYHTmiR-127.214	D-3504	275	1.0
VOYHTmiR-127.218	D-3507	281	0.4
VOYHTmiR-127.372	D-3530	316	0.48
VOYHTmiR-127.425	D-3534	322	0.5
VOYHTmiR-127.907	D-3526	310	0.55
VOYHTmiR-127.257	D-3518	298	0.42
mCherry	N/A	-	1.0
비처리된	N/A	-	0.93

[0723]

[0724] [표 17]

1E5/세포의 MOI 에서 AAV2-miRNA 발현 벡터의 감염 후 HEK293T 및 HeLa 세포에서 HTT mRNA 억제

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준	
			HEK293T 세포	HeLa 세포
VOYHTmiR-104.579	D-3549	342	0.4	0.5
VOYHTmiR-104.579.1	D-3566	347	0.38	0.51
VOYHTmiR-104.579.3	D-3566	349	0.35	0.3
VOYHTmiR-104.579.5	D-3569	367	0.7	0.75
VOYHTmiR-104.579.7	D-3567	352	0.35	0.45
VOYHTmiR-104.579.9	D-3566	354	0.35	0.48
VOYHTmiR-104.579.10	D-3570	368	0.31	0.3
mCherry	N/A	-	1.0	1.0

[0725]

[0726] [표 18]

1E4/세포의 MOI 에서 AAV2-miRNA 발현 벡터의 감염 후 HEK293T 및 HeLa 세포에서 HTT mRNA 억제

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준	
			HEK293T 세포	HeLa 세포
VOYHTmiR-102.016	D-3544	335	0.5	0.51
VOYHTmiR-102.214	D-3500	270	1.08	0.9
VOYHTmiR-102.218	D-3505	276	0.82	0.9
VOYHTmiR-102.372	D-3528	311	0.9	0.9
VOYHTmiR-102.425	D-3532	317	0.7	0.8
VOYHTmiR-102.907	D-3524	305	0.7	0.71
VOYHTmiR-102.257	D-3516	293	0.7	0.8
VOYHTmiR-104.016	D-3545	336	0.51	0.59
VOYHTmiR-104.218	D-3506	277	0.8	0.8
VOYHTmiR-104.372	D-3529	312	0.8	0.8
VOYHTmiR-104.425	D-3533	318	0.6	0.65
VOYHTmiR-104.907	D-3525	306	0.7	0.7
VOYHTmiR-104.257	D-3517	294	0.85	0.71
VOYHTmiR-109.016	D-3546	337	0.5	0.6
VOYHTmiR-109.218	D-3507	278	0.8	0.81
VOYHTmiR-109.372	D-3530	313	0.91	0.88
VOYHTmiR-109.425	D-3534	319	0.7	0.71
VOYHTmiR-109.907	D-3526	307	0.85	0.8
VOYHTmiR-109.257	D-3518	295	0.85	0.91
VOYHTmiR-114.016	D-3547	338	0.6	0.68
VOYHTmiR-114.214	D-3503	273	1.1	0.98
VOYHTmiR-114.372	D-3531	314	0.82	0.88
VOYHTmiR-116.016	D-3546	339	0.69	0.59
VOYHTmiR-116.218	D-3507	280	0.91	0.81
VOYHTmiR-127.016	D-3546	340	0.39	0.3
VOYHTmiR-127.214	D-3504	275	1.2	1.0
VOYHTmiR-127.218	D-3507	281	0.41	0.41
VOYHTmiR-127.372	D-3530	316	0.5	0.5
VOYHTmiR-127.425	D-3534	322	0.58	0.57
VOYHTmiR-127.907	D-3526	310	0.6	0.59
VOYHTmiR-127.257	D-3518	298	0.5	0.41
mCherry	N/A	-	1.0	1.1
비처리된	N/A	-	1.08	0.98

[0727]

[0728] HEK293T 세포에서, 1E4 vg/세포의 MOI에서 감염 24시간 후, VOYHTmiR-127.016은 0.3-0.4의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-127.218, VOYHTmiR-102.016, VOYHTmiR-109.016, VOYHTmiR-127.372, 및 VOYHTmiR-127.257은 0.41-0.5의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-104.016, VOYHTmiR-127.425, VOYHTmiR-104.425, VOYHTmiR-114.016, 및 VOYHTmiR-127.907은 0.51-0.6의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-116.016, VOYHTmiR-102.425, VOYHTmiR-102.907, VOYHTmiR-102.257, VOYHTmiR-104.907, 및 VOYHTmiR-109.425는 0.61-0.7의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-104.218, VOYHTmiR-104.372, 및 VOYHTmiR-109.218은 0.71-0.8의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-102.218, VOYHTmiR-114.372, VOYHTmiR-104.257, VOYHTmiR-109.907, VOYHTmiR-109.257, 및 VOYHTmiR-102.372는 0.81-0.9의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-109.372, 및 VOYHTmiR-116.218은 0.91의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였다.

[0729] HEK293T 세포에서, 1E5 vg/세포의 MOI에서 감염 24시간 후, VOYHTmiR-127.579, VOYHTmiR-104.579.10, VOYHTmiR-104.579.3, VOYHTmiR-104.579.7, VOYHTmiR-104.579.9, VOYHTmiR-104.579.1, 및 VOYHTmiR-104.579는 0.3-0.4의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-114.579, VOYHTmiR-102.579, VOYHTmiR-116.579, 및 VOYHTmiR-127.894는 0.41-0.5의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-109.579, VOYHTmiR-109.894, 및 VOYHTmiR-114.894는 0.51-0.6의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-102.894, 및 VOYHTmiR-104.579.5는 0.61-0.7의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-114.219, VOYHTmiR-116.894, VOYHTmiR-109.219.n, VOYHTmiR-102.219.n, 및 VOYHTmiR-104.894는 0.71-0.8의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-104.219.n은 0.81-0.9의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-127.219.n, 및 VOYHTmiR-116.219.n은 0.91-0.95의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였다.

[0730] HeLa 세포에서, 1E4 vg/세포의 MOI에서 감염 24시간 후, VOYHTmiR-127.016은 0.3-0.4의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-127.218, VOYHTmiR-127.257, 및 VOYHTmiR-127.372는 0.41-0.5의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-102.016, VOYHTmiR-127.425, VOYHTmiR-104.016, VOYHTmiR-127.907, VOYHTmiR-116.016, 및 VOYHTmiR-109.016은 0.51-0.6의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-104.425, VOYHTmiR-114.016, 및 VOYHTmiR-104.907은 0.61-0.7의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-102.907, VOYHTmiR-109.425, VOYHTmiR-104.257, VOYHTmiR-102.425, VOYHTmiR-102.257, VOYHTmiR-104.218, VOYHTmiR-

104.372, 및 VOYHTmiR-109.907은 0.71-0.8의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-109.218, VOYHTmiR-116.218, VOYHTmiR-114.372, VOYHTmiR-109.372, VOYHTmiR-102.218, VOYHTmiR-102.372, 및 VOYHTmiR-102.214는 0.81-0.9의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-109.257, VOYHTmiR-114.214, 및 VOYHTmiR-127.214는 0.91-1의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였다.

[0731] HeLa 세포에서, 1E5 vg/세포의 MOI에서 감염 24시간 후, VOYHTmiR-127.016, VOYHTmiR-104.579.3, VOYHTmiR-104.579.10, VOYHTmiR-127.218, 및 VOYHTmiR-127.579는 0.3-0.4의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-127.257, VOYHTmiR-104.579.7, VOYHTmiR-127.372, VOYHTmiR-104.579, VOYHTmiR-104.579.9, 및 VOYHTmiR-127.425는 0.41-0.5의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-104.579.1, VOYHTmiR-102.016, VOYHTmiR-127.907, VOYHTmiR-104.016, VOYHTmiR-116.016, VOYHTmiR-109.016, 및 VOYHTmiR-127.894는 0.51-0.6의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-109.579, VOYHTmiR-114.579, VOYHTmiR-104.425, VOYHTmiR-114.016, VOYHTmiR-102.579, 및 VOYHTmiR-116.579는 0.61-0.7의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-104.907, VOYHTmiR-102.894, VOYHTmiR-104.894, VOYHTmiR-109.894, VOYHTmiR-104.257, VOYHTmiR-102.907, VOYHTmiR-109.425, VOYHTmiR-116.894, VOYHTmiR-114.894, VOYHTmiR-104.579.5, VOYHTmiR-102.257, VOYHTmiR-104.218, VOYHTmiR-104.372, VOYHTmiR-102.219.n, VOYHTmiR-102.425, VOYHTmiR-109.907, 및 VOYHTmiR-109.219.n은 0.71-0.8의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-116.218, VOYHTmiR-104.219.n, VOYHTmiR-116.219.n, VOYHTmiR-114.219, VOYHTmiR-109.218, VOYHTmiR-109.372, VOYHTmiR-114.372, VOYHTmiR-102.218, VOYHTmiR-102.372, VOYHTmiR-102.214, VOYHTmiR-109.257, 및 VOYHTmiR-127.219.n은 0.81-0.9의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고; VOYHTmiR-114.214 및 VOYHTmiR-127.214의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였고 0.91-1의 상대적 HTT mRNA 수준을 제공하였다.

[0732] **실시예 2. 사람 정상 1차 성상교세포, U251MG 세포, 신경원적으로 분화된 SH-SY5Y 세포, 및 사람 HD 섬유아세포에서 작제물의 활성**

[0733] AAV-miRNA 발현 벡터는 AAV2에 패키징시키고 사람 정상 1차 성상교세포 NHA (Lonza) (AGM™ 성상교세포 성장 배지, Lonza Cat# CC-3186에서 배양된), 사람 성상교세포주 U251MG (Sigma Cat#09063001-1VL) (2 mM GLUAMAX™ 보충물, 1x MEM 비-필수 아미노산 용액, 10 mM HEPES 및 10% FBS, 2 ng/ml 사람 FGF-2 및 5 ug/ml 사람 인슐린을 함유하는 DMEM/F-12에서 배양된, 모든 시약은 제조원(Life Technologies)으로부터), 신경원으로 분화된 SH-SY5Y 세포 (Sigma Cat#94030304) (2 mM GLUAMAX™ 보충물, 1x MEM 비필수 아미노산 용액, 10 mM HEPES 및 10% FBS, 2 ng/ml 사람 FGF-2 및 5 ug/ml 사람 인슐린을 함유하는 DMEM/F-12에서 배양된, 모든 시약은 제조원(Life Technologies)으로부터) 및/또는 사람 HD 1차 섬유아세포(Coriell Institute Cat# GM21756) (2 mM GLUAMAX™ 보충물, 1x MEM 비필수 아미노산 용액, 10 mM HEPES 및 10% FBS, 2 ng/ml 사람 FGF-2 및 5 ug/ml 사람 인슐린을 함유하는 DMEM/F-12에서 배양된, 모든 시약은 제조원(Life Technologies)으로부터)에 감염시켰다. mCherry의 대조군을 또한 평가하였다. NHA, 섬유아세포 및 U251MG에 대해, 상기 세포들을 96-웰 플레이트(200 ul 세포 배양 배지 중 1-2E4 세포/웰)에 분주하고 AAV-miRNA 발현 벡터 또는 AAV2에 패키징된 대조군 mCherry 벡터로 3회 감염시켰다. SH-SY5Y 세포는 0.1 ug/ml 폴리-D-라이신 및 15 ug/ml 라미닌으로 이중 코팅된 96-웰 플레이트(200ul 세포 배양 배지 중 1E4 세포/웰)에 분주하고 분화 배지에서 4일 동안 신경원 분화에 대해 유도하였고 이어서 AAV2-miRNA 발현 벡터로 3회 감염시켰다. AAV2-miRNA 발현 벡터는 1E5 또는 1E6 vg/세포의 MOI로 감염시켰다. 감염 24-48 시간 후, 세포는 즉시 세포 용해 및 qRT-PCR을 위해 수거하였다.

[0734] *A. 1E5 vg/세포의 MOI에서 감염 후 24시간 째에 HTT 억제*

[0735] 1E5 vg/세포의 MOI에서 감염 24시간 후 HTT mRNA의 상대적 발현은 정상 사람 1차 성상교세포, 사람 성상교세포 세포주 U251MG, SH-SY5Y 분화된 신경세포 및 사람 HD 1차 섬유아세포에 대해 qRT-PCR로 결정하였다. 상대적 HTT mRNA 발현은 qRT-PCR에 의한 결정시 HTT mRNA 수준을 하우스키핑 유전자 mRNA 수준으로 규정화함에 의해 수득하였고; 상기 규정된 HTT mRNA 수준은 이어서 mCherry-처리된 세포 내 규정된 HTT mRNA 수준과 비교하여 표현하였다. 상기 결과는 표 19에 나타낸다.

[0736] [표 19]

1E5 vg/세포의 MOI 에서 AAV2-miRNA 발현 벡터의 감염 후 24 시간 째에 정상 1 차 사람 성상교세포, U251MG 세포, 신경세포적으로 분화된 SH-SY5Y 세포 및 사람 HD 섬유아세포의 HTT mRNA 억제

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준 (%) (mCherry 로 표준화된)			
			사람 1 차 성상교세포 (NHA)	U251MG	SH-SY5Y	HD 섬유아세포
VOYHTmiR-102.219.n	D-3513	288	103	119	91	102
VOYHTmiR-102.894	D-3520	299	102	102	82	100
VOYHTmiR-102.579	D-3548	341	105	102	101	86
VOYHTmiR-104.219.n	D-3514	289	91	111	90	121
VOYHTmiR-104.894	D-3521	300	98	112	103	104
VOYHTmiR-104.579	D-3549	342	102	79	79	88
VOYHTmiR-109.219.n	D-3513	290	89	96	89	78
VOYHTmiR-109.894	D-3520	301	89	102	77	91
VOYHTmiR-109.579	D-3548	343	82	82	71	78
VOYHTmiR-116.219.n	D-3515	291	81	90	95	79
VOYHTmiR-116.894	D-3523	303	94	86	80	70
VOYHTmiR-116.579	D-3551	345	108	95	98	100
VOYHTmiR-114.219	D-3511	285	91	105	95	106
VOYHTmiR-114.894	D-3522	302	100	85	82	81
VOYHTmiR-114.579	D-3550	344	100	77	70	80
VOYHTmiR-127.219.n	D-3513	292	89	90	86	81
VOYHTmiR-127.894	D-3520	304	80	79	69	80
VOYHTmiR-127.579	D-3548	346	79	61	54	73
VOYHTmiR-102.214	D-3500	270	78	80	91	81
VOYHTmiR-102.016	D-3544	335	70	51	51	77
VOYHTmiR-102.218	D-3505	276	92	100	92	115
VOYHTmiR-102.372	D-3528	311	90	99	118	120
VOYHTmiR-102.425	D-3532	317	95	85	103	114
VOYHTmiR-102.907	D-3524	305	84	69	85	84
VOYHTmiR-102.257	D-3516	293	124	72	73	90
VOYHTmiR-104.016	D-3545	336	115	75	65	85
VOYHTmiR-104.218	D-3506	277	119	78	85	88
VOYHTmiR-104.372	D-3529	312	101	95	96	90
VOYHTmiR-104.425	D-3533	318	126	81	76	95
VOYHTmiR-104.907	D-3525	306	121	75	79	110
VOYHTmiR-104.257	D-3517	294	110	77	81	90
VOYHTmiR-109.016	D-3546	337	81	67	70	79
VOYHTmiR-109.218	D-3507	278	96	68	73	80
VOYHTmiR-109.372	D-3530	313	102	81	73	77
VOYHTmiR-109.425	D-3534	319	98	74	71	82
VOYHTmiR-109.907	D-3526	307	88	80	80	82
VOYHTmiR-109.257	D-3518	295	120	89	94	95
VOYHTmiR-114.016	D-3547	338	100	73	65	95
VOYHTmiR-114.214	D-3501	273	114	97	100	88
VOYHTmiR-114.372	D-3531	314	90	83	77	79
VOYHTmiR-116.016	D-3546	339	87	57	51	79
VOYHTmiR-116.218	D-3508	280	100	77	74	75
VOYHTmiR-127.016	D-3546	340	62	30	40	61

[0737]

VOYHTmiR-127.214	D-3504	275	92	97	100	69
VOYHTmiR-127.218	D-3507	281	81	42	49	72
VOYHTmiR-127.372	D-3530	316	90	50	64	83
VOYHTmiR-127.425	D-3534	322	97	68	69	81
VOYHTmiR-127.907	D-3526	310	79	57	62	70
VOYHTmiR-127.257	D-3518	298	78	63	52	61
mCherry	N/A	-	100	100	100	100

[0738]

[0739] 정상 사람 1차 성상교세포에서, VOYHTmiR-102.016 및 VOYHTmiR-127.016은 1E5 vg/세포의 MOI에서 감염 24시간 후 HTT mRNA의 약 30 내지 40% 사일런싱을 유발하였다.

[0740] 사람 성상교세포주 U251MG에서, 1E5 vg/세포의 MOI에서 감염 24시간 후, HTT mRNA에 대해, VOYHTmiR-127.579, VOYHTmiR-102.907, VOYHTmiR-102.257, VOYHTmiR-109.016, VOYHTmiR-109.218, VOYHTmiR-114.016, VOYHTmiR-127.425 및 VOYHTmiR-127.257은 약 30-40 % 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-102.016, VOYHTmiR-127.372, VOYHTmiR-116.016 및 VOYHTmiR-127.907은 41-50%의 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-127.218은 51-60%의 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-127.016은 61-70%의 사일런싱을 유발한다.

[0741] SH-SY5Y 분화된 신경세포에서, 1E5 vg/세포의 MOI에서 감염 24시간 후, HTT mRNA에 대해, VOYHTmiR-109.579, VOYHTmiR-114.579, VOYHTmiR-127.894, VOYHTmiR-102.257, VOYHTmiR-104.016, VOYHTmiR-109.016, VOYHTmiR-109.218, VOYHTmiR-109.372, VOYHTmiR-109.425, VOYHTmiR-114.016, VOYHTmiR-127.372, VOYHTmiR-127.425 및 VOYHTmiR-127.907은 약 30-40%의 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-127.579, VOYHTmiR-102.016, VOYHTmiR-

116.016 및 VOYHTmiR-127.257은 약 41-50%의 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-127.016 및 VOYHTmiR-127.218은 약 51-60%의 사일런싱을 유발한다.

[0742] 사람 HD 섬유아세포에서, 1E5 vg/세포의 MOI에서 감염 24시간 후, HTT mRNA에 대해, VOYHTmiR-116.894, VOYHTmiR-127.579, VOYHTmiR-127.016, VOYHTmiR-127.214, VOYHTmiR-127.218, VOYHTmiR-127.907 및 VOYHTmiR-127.257은 약 30-40%의 사일런싱을 유발한다.

[0743] *B. 1E6 vg/세포의 MOI에서 감염 후 24시간 째에 HTT 억제*

[0744] 1E6의 MOI에서 감염 24시간 후 HTT mRNA의 상대적 발현은 사람 성상교세포 세포주 U251MG, 및 신경원으로 분화된 SH-SY5Y 세포에 대해 qRT-PCR로 결정하였다. 상대적 HTT mRNA 발현은 qRT-PCR에 의한 결정시 HTT mRNA 수준을 하우스키핑 유전자 mRNA 수준으로 규정화함에 의해 수득하였고; 상기 규정된 HTT mRNA 수준은 이어서 mCherry-처리된 세포 내 규정된 HTT mRNA 수준과 비교하여 표현하였다. 상기 결과는 표 20에 나타낸다.

[0745] [표 20]

1E6 vg/세포의 MOI 로 감염 후 24 시간 째에 U251MG 세포 및 신경세포적으로 분화된 SH-SY5Y 세포의 HTT mRNA 억제

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준 (%) (XPNPEP1 으로 표준화됨)	
			U251MG	SH-SY5Y
VOYHTmiR-102.219.n	D-3513	288	113	69
VOYHTmiR-102.894	D-3520	299	113	58
VOYHTmiR-102.579	D-3548	341	79	56
VOYHTmiR-104.219.n	D-3514	289	119	80
VOYHTmiR-104.894	D-3521	300	125	69
VOYHTmiR-104.579	D-3549	342	69	46
VOYHTmiR-109.219.n	D-3513	290	111	70
VOYHTmiR-109.894	D-3520	301	80	57
VOYHTmiR-109.579	D-3548	343	65	50
VOYHTmiR-116.219.n	D-3515	291	92	70
VOYHTmiR-116.894	D-3523	303	86	60
VOYHTmiR-116.579	D-3551	345	90	60
VOYHTmiR-114.219	D-3511	285	108	68
VOYHTmiR-114.894	D-3522	302	83	57
VOYHTmiR-114.579	D-3550	344	60	42
VOYHTmiR-127.219.n	D-3513	292	102	87
VOYHTmiR-127.894	D-3520	304	61	47
VOYHTmiR-127.579	D-3548	346	48	42
VOYHTmiR-102.214	D-3500	270	78	115
VOYHTmiR-102.016	D-3544	335	48	45
VOYHTmiR-102.218	D-3505	276	100	90
VOYHTmiR-102.372	D3528	311	78	97
VOYHTmiR-102.425	D-3532	317	69	90
VOYHTmiR-102.907	D-3524	305	58	108
VOYHTmiR-102.257	D-3516	293	68	69
VOYHTmiR-104.016	D-3545	336	51	45
VOYHTmiR-104.218	D-3506	277	60	63
VOYHTmiR-104.372	D-3529	312	78	79
VOYHTmiR-104.425	D-3533	318	60	58
VOYHTmiR-104.907	D-3525	306	68	67
VOYHTmiR-104.257	D-3517	294	70	57
VOYHTmiR-109.016	D-3546	337	49	55
VOYHTmiR-109.218	D-3507	278	65	61
VOYHTmiR-109.372	D-3530	313	82	58
VOYHTmiR-109.425	D-3534	319	70	59
VOYHTmiR-109.907	D-3526	307	69	65
VOYHTmiR-109.257	D-3518	295	75	61
VOYHTmiR-114.016	D-3547	338	63	48
VOYHTmiR-114.214	D-3501	273	81	90
VOYHTmiR-114.372	D-3531	314	66	56
VOYHTmiR-116.016	D-3546	339	45	45
VOYHTmiR-116.218	D-3508	280	80	65
VOYHTmiR-127.016	D-3546	340	30	26
VOYHTmiR-127.214	D-3504	275	102	80

[0746]

VOYHTmiR-127.218	D-3507	281	35	33
VOYHTmiR-127.372	D-3530	316	45	42
VOYHTmiR-127.425	D-3534	322	50	51
VOYHTmiR-127.907	D-3526	310	42	42
VOYHTmiR-127.257	D-3518	298	38	39
mCherry	N/A	-	100	100

[0747]

[0748] 사람 성상교세포 세포주 U251MG에서, 1E6 vg/세포의 MOI에서 감염 24시간 후 HTT mRNA에 대해, VOYHTmiR-104.579, VOYHTmiR-109.579, VOYHTmiR-114.579, VOYHTmiR-127.894, VOYHTmiR-102.425, VOYHTmiR-102.257, VOYHTmiR-104.218, VOYHTmiR-104.425, VOYHTmiR-104.907, VOYHTmiR-104.257, VOYHTmiR-109.218, VOYHTmiR-109.425, VOYHTmiR-109.907, VOYHTmiR-114.016 및 VOYHTmiR-114.372는 약 30-40 % 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-102.907, VOYHTmiR-104.016, VOYHTmiR-127.425는 약 41-50 % 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-127.579, VOYHTmiR-102.016, VOYHTmiR-109.016, VOYHTmiR-116.016, VOYHTmiR-127.372 및 VOYHTmiR-127.907은 약 51-60 % 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-127.016, VOYHTmiR-127.218 및 VOYHTmiR-127.257은 약 61-70%의 사일런싱을 유발한다.

[0749] 신경원으로 분화된 SH-SY5Y 세포에서, 1E6 vg/세포의 MOI에서 감염 24시간 후 HTT mRNA에 대해, VOYHTmiR-102.219.n, VOYHTmiR-104.894, VOYHTmiR-109.219.n, VOYHTmiR-116.219.n, VOYHTmiR-116.894, VOYHTmiR-116.579, VOYHTmiR-114.219, VOYHTmiR-102.257, VOYHTmiR-104.218, VOYHTmiR-104.907, VOYHTmiR-109.218, VOYHTmiR-109.907, VOYHTmiR-109.257, VOYHTmiR-116.218은 약 30-40%의 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-102.894, VOYHTmiR-102.579, VOYHTmiR-109.894, VOYHTmiR-109.579, VOYHTmiR-114.894, VOYHTmiR-104.425, VOYHTmiR-104.257, VOYHTmiR-109.016, VOYHTmiR-109.372, VOYHTmiR-109.425, VOYHTmiR-114.372, VOYHTmiR-127.425는 약 41-50%의 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-104.579, VOYHTmiR-114.579, VOYHTmiR-127.894, VOYHTmiR-127.579, VOYHTmiR-102.016, VOYHTmiR-104.016, VOYHTmiR-114.016, VOYHTmiR-116.016, VOYHTmiR-127.372, VOYHTmiR-127.907은 약 51-60 % 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-127.016, VOYHTmiR-127.218 및 VOYHTmiR-127.257은 약 61-75 % 사일런싱을 유발한다.

[0750] *C. 1E5 vg/세포의 MOI로 감염 후 36시간 째에 HTT 억제*

[0751] 1E5 vg/세포의 MOI에서 감염 36시간 후 HTT mRNA의 상대적 발현은 사람 성상교세포 세포주 U251MG, 및 신경원으로 분화된 SH-SY5Y 세포에 대해 qRT-PCR로 결정하였다. 상대적 HTT mRNA 발현은 HTT mRNA를 하우스키핑 mRNA로 규정화 및 추가로 mCherry-처리된 세포로의 규정화함에 의해 결정하여고; 상기 결과는 표 21에 나타낸다.

[0752] [표 21]

MOI 1E5 vg/세포에서-감염 후 36 시간에 U251MG 세포 및 신경세포적으로 분화된 SH-SY5Y 세포에서 HTT mRNA 억제

[0753]

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준 (%) (XPNPEP1 으로 표준화된)	
			U251MG	SH-SY5Y
VOYHTmiR-104.579.5	D-3569	367	75	70
VOYHTmiR-104.579.2	D-3566	348	70	88
VOYHTmiR-104.579.1	D-3566	347	45	53
VOYHTmiR-104.579.9	D-3566	354	40	60
VOYHTmiR-104.579	D-3549	342	37	50
VOYHTmiR-104.579.7	D-3567	352	35	44
VOYHTmiR-104.579.3	D-3566	349	25	35
VOYHTmiR-104.579.10	D-3570	368	25	38
mCherry	N/A	-	100	100

[0754] 사람 성상교세포 세포주 U251MG에서, 1E5 vg/세포의 MOI에서 감염 36시간 후, HTT mRNA에 대해, VOYHTmiR-104.579.2는 약 30-40% 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-104.579.1 및 VOYHTmiR-104.579.9는 약 51-60 % 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-104.579, 및 VOYHTmiR-104.579.7은 약 61-70% 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-104.579.3, 및 VOYHTmiR-104.579.10은 약 71-80 % 사일런싱을 유발한다.

[0755] 신경원으로 분화된 SH-SY5Y에서, 1E5 vg/세포의 MOI에서 감염 36시간 후, HTT mRNA에 대해, VOYHTmiR-104.579.5 및 VOYHTmiR-104.579.9는 약 30-40 % 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-104.579.1 및 VOYHTmiR-104.579는 약 41-50 % 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-104.579.7, VOYHTmiR-104.579.3 및 VOYHTmiR-104.579.10은 약 51-65%의 사일런싱을 유발한다.

[0756] *D. 1E6 vg/세포의 MOI로 감염 후 36시간 째에 HTT 억제*

[0757] 1E6 vg/세포의 MOI에서 감염 36시간 후 HTT mRNA의 상대적 발현은 신경원으로 분화된 SH-SY5Y 세포에서 qRT-PCR로 결정하였다. 상대적 HTT mRNA 발현은 HTT mRNA를 하우스키핑 mRNA로 규정화 및 추가로 mCherry-처리된 세포로의 규정화함에 의해 결정하여고; 상기 결과는 표 22에 나타낸다.

[0758] [표 22]

MOI1E6 으로-감염 후 36 시간에 신경세포적으로 분화된 SH-SY5Y 세포에서 HTT mRNA 억제

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준 (%) (XPNPEP1 으로 표준화된)
			SH-SY5Y
VOYHTmiR-104.579.5	D-3569	367	73
VOYHTmiR-104.579.2	D-3566	348	68
VOYHTmiR-104.579.1	D-3566	347	58
VOYHTmiR-104.579.9	D-3566	354	61
VOYHTmiR-104.579	D-3549	342	62
VOYHTmiR-104.579.7	D-3567	352	43
VOYHTmiR-104.579.3	D-3566	349	38
VOYHTmiR-104.579.10	D-3570	368	38
mCherry	N/A	-	100

[0759]

[0760] 신경원으로 분화된 SH-SY5Y 세포에서, 1E6 vg/세포의 MOI에서 감염 36시간 후, HTT mRNA에 대해, VOYHTmiR-104.579.5, VOYHTmiR-104.579.2, VOYHTmiR-104.579.9, VOYHTmiR-104.579는 약 30-40 % 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-104.579.1은 약 41-50 % 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-104.579.7, VOYHTmiR-104.579.3, 및 VOYHTmiR-104.579.10은 약 51-65 % 사일런싱을 유발한다.

[0761] *E. 1E6의 MOI에서 감염 후 40시간 째에 HTT 억제*

[0762] 1E6 vg/세포의 MOI에서 감염 40시간 후 HTT mRNA의 상대적 발현은 사람 성상교세포 세포주 U251MG, 및 신경원으로 분화된 SH-SY5Y 세포에 대해 qRT-PCR로 결정하였다. 상대적 HTT mRNA 발현은 HTT mRNA를 하우스키핑 mRNA로 규정화 및 추가로 mCherry-처리된 세포로의 규정화함에 의해 결정하였고; 상기 결과는 표 23에 나타낸다.

[0763] [표 23]

1E6 vg/세포의 MOI 로 감염 후 40 시간에 U251MG 세포 및 신경세포적으로 분화된 SH-SY5Y 세포에서 HTT mRNA 억제

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준 (%) (XPNPEP1 으로 표준화된)	
			U251MG	SH-SY5Y
VOYHTmiR-102.219.n	D-3513	288	111	84
VOYHTmiR-102.894	D-3520	299	94	79
VOYHTmiR-102.579	D-3548	341	97	78
VOYHTmiR-104.219.n	D-3514	289	98	85
VOYHTmiR-104.894	D-3521	300	97	78
VOYHTmiR-104.579	D-3549	342	78	64
VOYHTmiR-109.219.n	D-3513	290	106	88
VOYHTmiR-109.894	D-3520	301	90	74
VOYHTmiR-109.579	D-3548	343	87	69
VOYHTmiR-116.219.n	D-3515	291	94	85
VOYHTmiR-116.894	D-3523	303	97	84
VOYHTmiR-116.579	D-3551	345	95	76
VOYHTmiR-114.219	D-3511	285	97	76
VOYHTmiR-114.894	D-3522	302	92	74
VOYHTmiR-114.579	D-3550	344	83	71
VOYHTmiR-127.219.n	D-3513	292	105	85
VOYHTmiR-127.894	D-3520	304	85	67
VOYHTmiR-127.579	D-3548	346	74	59
VOYHTmiR-102.214	D-3500	270	66	70
VOYHTmiR-102.016	D-3544	335	94	96
VOYHTmiR-102.218	D-3505	276	95	90
VOYHTmiR-102.372	D-3528	311	91	91
VOYHTmiR-102.425	D-3532	317	86	91
VOYHTmiR-102.907	D-3524	305	87	94
VOYHTmiR-102.257	D-3516	293	92	88
VOYHTmiR-104.016	D-3545	336	71	66
VOYHTmiR-104.218	D-3506	277	85	81
VOYHTmiR-104.372	D-3529	312	95	93
VOYHTmiR-104.425	D-3533	318	80	78
VOYHTmiR-104.907	D-3525	306	77	71
VOYHTmiR-104.257	D-3517	294	76	69
VOYHTmiR-109.016	D-3546	337	76	75
VOYHTmiR-109.218	D-3507	278	88	74
VOYHTmiR-109.372	D-3530	313	89	76
VOYHTmiR-109.425	D-3534	319	84	77
VOYHTmiR-109.907	D-3526	307	84	83
VOYHTmiR-109.257	D-3518	295	92	75
VOYHTmiR-114.016	D-3547	338	72	60
VOYHTmiR-114.214	D-3501	273	93	88
VOYHTmiR-114.372	D-3531	314	90	81
VOYHTmiR-116.016	D-3546	339	75	66
VOYHTmiR-116.218	D-3508	280	91	76
VOYHTmiR-127.016	D-3546	340	55	48
VOYHTmiR-127.214	D-3504	275	99	86
VOYHTmiR-127.218	D-3507	281	59	60

[0764]

VOYHTmiR-127.372	D-3530	316	63	62
VOYHTmiR-127.425	D-3534	322	71	66
VOYHTmiR-127.907	D-3526	310	74	70
VOYHTmiR-127.257	D-3518	298	62	63
mCherry	N/A	-	102	102

[0765]

[0766] 사람 성상교세포 세포주 U251MG에서, 1E6 vg/세포의 MOI에서 감염 40시간 후, HTT mRNA에 대해, VOYHTmiR-102.214, VOYHTmiR-104.016, VOYHTmiR-114.016, VOYHTmiR-127.372, VOYHTmiR-127.425 및 VOYHTmiR-127.257은 약 30-40% 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-127.016 및 VOYHTmiR-127.218은 약 41-50% 사일런싱을 유발한다.

[0767] 신경원으로 분화된 SH-SY5Y 세포에서, 1E6 vg/세포의 MOI에서 감염 40시간 후 HTT mRNA에 대해, VOYHTmiR-104.579, VOYHTmiR-109.579, VOYHTmiR-114.579, VOYHTmiR-127.894, VOYHTmiR-102.214, VOYHTmiR-104.016, VOYHTmiR-104.907, VOYHTmiR-104.257, VOYHTmiR-114.016, VOYHTmiR-116.016, VOYHTmiR-127.218, VOYHTmiR-127.372, VOYHTmiR-127.425, VOYHTmiR-127.907 및 VOYHTmiR-127.257은 약 30-40% 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-127.579는 약 41-50% 사일런싱을 유발하고; VOYHTmiR-127.016은 약 51-60% 사일런싱을 유발한다.

[0768] **실시예 3. HTT 억제의 생체내 YAC128 마우스 연구, 가이드 대 패신저 비율 및 포유동물 세포에서 생산된 AAV-miRNA 벡터를 사용한 치료 후 5' 말단 프로세싱의 정확도**

[0769] 플라스미드 형질감염 및 AAV 팩키지된 AAV-miRNA 발현 벡터의 감염을 사용한 HTT의 시험관내 저해를 기반으로, *선택된* AAV-miRNA 발현 벡터는 AAV1에 패키징하고 HTT mRNA 저해를 정량하고 가이드 대 패신저 비율 및 심층 서열 분석에 의한 5' 말단 프로세싱의 정확도를 평가하기 위해 생체내 YAC128 마우스에서 평가하였다. AAV-miRNA 전이유전자 게놈은 CBA 프로모터 (AAV1.CBA.iHtt)와 함께 AAV1에 패키징하고, 이어서 벡터는 HEK293 또는 HEK293T 세포에서 3중 형질감염에 의해 생산하고, 정제하고 0.001% F-68을 갖는 포스페이트 완충 식염수 (PBS) 중에 제형화하였다. 벡터는 반구 당 10분에 걸쳐 5 uL 중 대략 1E10 내지 3E10 vg의 용량으로 양측면 선조체내 주입을 통해 7 내지 12주령의 YAC128 마우스에 투여하였다. 대조군 그룹은 비히클로 처리하였다(0.001% F-68을 갖는 PBS). 각각의 그룹은 4마리의 암컷 및 4마리의 수컷을 포함하였다. 시험 제품 투여 28일 후, 선조체 조직 펀치를 수거하고 이후 분석을 위해 스냅 통결시켰다.

[0770] 선조체 조직 샘플을 이어서 균질화하고 전체 RNA를 정제하였다. HTT의 상대적 발현은 qRT-PCR에 의해 결정하였다. 규정화를 위한 하우스키핑 유전자는 마우스 XPNPEP1 (X-프롤릴 아미노펩티다제 1) 및 마우스 HPRT (하이포크산틴-구아닌 포스포리보실트랜스퍼라제)를 포함하였다. HTT mRNA는 하우스키핑 유전자 발현으로 규정화하였고 이어서 추가로 비히클 그룹으로 규정화하였다. 상기 결과는 표 24 및 25에 나타낸다.

[0771] [표 24]

선조체내 주입 후 YAC128 마우스 선조체내 HTT mRNA 억제

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준 (%) (XPNPEP1 으로 표준화된) –평균 ± 표준 편차	상대적 HTT mRNA 수준 (%) (HPRT 로 표준화된) –평균 ± 표준 편차
VOYHTmiR-127.016	D-3546	340	63 ± 8	68 ± 9
VOYHTmiR-127.218	D-3507	281	85 ± 19	86 ± 22
VOYHTmiR-127.257	D-3518	298	76 ± 13	78 ± 8
VOYHTmiR-116.016	D-3546	339	99 ± 11	106 ± 18
VOYHTmiR-127.579	D-3548	346	74 ± 6	77 ± 10
VOYHTmiR-104.425	D-3533	318	83 ± 4	86 ± 7
VOYHTmiR-104.257	D-3517	294	91 ± 7	96 ± 10
VOYHTmiR-104.907	D-3525	306	103 ± 18	102 ± 14
비히클	N/A	-	100 ± 15	100 ± 14

[0772]

[0773] [표 25]

선조체내 주입 후 YAC128 마우스 선조체에서 HTT mRNA 억제

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	상대적 HTT mRNA 수준 (%) (XPNPEP1 으로 표준화된) –평균 ± 표준 편차	상대적 HTT mRNA 수준 (%) (HPRT 로 표준화된) 평균 ± 표준 편차
VOYHTmiR-104.579.3	D-3566	349	67 + 19	63 ± 18
VOYHTmiR-104.579.10	D-3570	368	70 + 10	69 ± 10
VOYHTmiR-102.016	D-3544	335	92 + 12	91 ± 12
VOYHTmiR-104.016	D-3545	336	73 + 10	68 ± 7
VOYHTmiR-114.016	D-3547	338	93 + 9	88 ± 16
VOYHTmiR-127.907	D-3526	310	87 + 14	83 ± 10
VOYHTmiR-109.016	D-3546	337	79 + 7	76 ± 6
VOYHTmiR-104.579	D-3549	342	94 + 16	96 ± 13
비히클	N/A	-	100 ± 6	100 ± 8

[0774]

[0775] YAC128 마우스 선조체에서, 선조체 당 1E10 내지 3E10 vg의 선조체내 주입 후 약 28일째에 HTT mRNA에 대해 VOYHTmiR-127.016, VOYHTmiR-127.257, VOYHTmiR-127.579, VOYHTmiR-104.579.3, VOYHTmiR-104.579.10, VOYHTmiR-104.016 및 VOYHTmiR-109.016은 약 20-40%의 사일런싱을 유발하였다.

[0776] 선조체 조직 샘플은 또한 가이드:패신저 비율, miRNA의 총 내인성 풀에 상대적인 가이드 및 패신저 가닥의 풍부함, 및 가이드 가닥의 5' 말단에서 프로세싱의 정확도를 평가하기 위해 심층 서열분석에 의해 pri-miRNA 프로세싱에 대해 평가하였다. 상기 결과는 표 26에 나타낸다.

[0777] [표 26]

선조체내 주입 후 YAC128 마우스 선조체 샘플의 딥(deep) 서열 분석

명칭	듀플렉스 ID	발현 카세트	내인성 miRNA 풀에 상대적인 풍부함 (%)	가이드 / 패신저 비율	% N (가이드)
VOYHTmiR-127.016	D-3546	340	58.13	422.9	91.5
VOYHTmiR-127.218	D-3507	281	1.49	2.44	96.2
VOYHTmiR-127.257	D-3518	298	9.66	0.04	85.7
VOYHTmiR-116.016	D-3546	339	3.09	207.8	95.9
VOYHTmiR-127.579	D-3548	346	0.05	24.28	83.2
VOYHTmiR-104.425	D-3533	318	0.12	0.32	92.7
VOYHTmiR-104.257	D-3517	294	0.07	0.38	97.1
VOYHTmiR-104.907	D-3525	306	6.45	2384	96.4
VOYHTmiR-104.579.3	D-3566	349	0.21	40	86.8
VOYHTmiR-104.579.10	D-3570	368	0.76	83	89.8
VOYHTmiR-102.016	D-3544	335	3.06	494	86.4
VOYHTmiR-104.016	D-3545	336	5.41	629	86.8
VOYHTmiR-114.016	D-3547	338	1.7	256	85.8
VOYHTmiR-127.907	D-3526	310	51.29	163	82.9
VOYHTmiR-109.016	D-3546	337	1.75	135	87.1
VOYHTmiR-104.579	D-3549	342	0.01	19	84.9

[0778]

[0779] **실시예 4. HTT 서열**

[0780] HTT 유래된 올리고뉴클레오타이드를 합성하고 표 3에 기재된 바와 같이 듀플렉스로 형성시켰다. siRNA 듀플렉스는 이어서 내인성 HTT 유전자 발현에 대해 시험관내 저해 활성에 대해 시험하였다.

[0781] **실시예 5. HTT를 표적화하는 가이드 가닥 및 패신저 가닥을 함유하는 AAV-miRNA 발현 벡터의 시험관내 평가**

[0782] 사람 HTT 유전자에 대한 안티센스 가닥의 예측된 선택성을 기반으로, 표 3에 열거된 HTT siRNA의 듀플렉스의 가이드 및 패신저 가닥의 일부를 AAV-miRNA 발현 벡터에 가공하고 중추신경계, 신경세포주 또는 비-신경세포주의 세포에 형질감염시켰다. siRNA 녹다운 연구에 사용되는 오버행이 siRNA에 대해 카노니칼 dTdT라 할지라도, 작제물 중에 오버행은 임의의 디뉴클레오타이드 오버행을 포함할 수 있다.

[0783] 사용되는 세포는 1차 세포, 세포주, 또는 유도된 만능 줄기 세포 (iPS 세포)로부터 유래된 세포일 수 있다.

[0784] 이어서 HTT 녹다운을 측정하고 심층 서열분석은 발현 벡터에서 투여된 각각의 작제물로부터 프로세싱된 정확한 패신저 및 가이드 가닥을 정량하기 위해 수행하였다.

[0785] 가이드 대 패신저 비율을 계산한다.

[0786] 가이드 가닥의 5'-말단을 서열 분석하여 절단의 정확도를 결정하고 정확한 절단으로부터 비롯된 퍼센트 예측된 가이드 가닥을 결정하였다.

[0787] AAV-miRNA 발현 벡터는 AAV2에 패키징하고 이어서 이를 사용하여 중추 신경계, 신경세포주 또는 비-신경세포주의 세포에 감염시켜 HTT의 시험관내 녹다운을 분석하였다. mCherry 작제물 또는 비히클 그룹은 음성 대조군으로서 사용한다.

[0788] 심층 서열분석을 다시 수행한다.

[0789] **실시예 6. HTT를 표적화하는 가이드 서열 및 패신저 서열을 함유하는 Pri-miRNA 카세트**

[0790] 본 발명에 따라, pri-miRNA 카세트 및 HTT siRNA를 포함하는 작제물을 디자인하고 표 27에 나타낸다. 패신저 및 가이드 가닥, 및 5' 및 3' 플랭킹 영역 및 루프 영역 (또한 링커 영역으로서 언급되는)은 표에 기재되어 있다. 표 27에서, 서열명의 "miR" 구성은 필연적으로 miRNA 유전자의 서열 넘버링에 상응하지 않는다(예를 들어, VOYHTmiR-102는 서열명이고 필수적으로 miR-102가 서열의 일부임을 의미하지 않는다).

[0791] [표 27]

패신저 및 가이드 서열 (5'-3')을 함유하는 Pri -miRNA 카세트

명칭	5' 플랭킹에서 3' 플랭킹 서열 번호	5' 플랭킹 서열 번호	패신저 서열 번호	루프 (링커) 서열 번호	가이드 서열 번호	3' 플랭킹 서열 번호
VOYHTmiR-102.016	335	251	119	257	9	266
VOYHTmiR-102.214	270	251	120	257	11	266
VOYHTmiR-102.218	276	251	121	257	13	266
VOYHTmiR-102.219.n	288	251	116	257	3	266
VOYHTmiR-102.257	293	251	122	257	15	266
VOYHTmiR-102.372	311	251	123	257	17	266
VOYHTmiR-102.425	317	251	124	257	19	266
VOYHTmiR-102.579	341	251	105	257	7	266
VOYHTmiR-102.894	299	251	104	257	5	266
VOYHTmiR-102.907	305	251	125	257	21	266
VOYHTmiR-104.016	336	251	126	257	9	266
VOYHTmiR-104.214	271	251	127	257	11	266
VOYHTmiR-104.218	277	251	128	257	13	266
VOYHTmiR-104.219.n	289	251	117	257	3	266
VOYHTmiR-104.257	294	251	129	257	15	266
VOYHTmiR-104.372	312	251	130	257	17	266
VOYHTmiR-104.425	318	251	131	257	19	266
VOYHTmiR-104.579	342	251	108	257	7	266
VOYHTmiR-104.579.1	347	250	168	260	7	265
VOYHTmiR-104.579.10	368	256	171	264	7	269
VOYHTmiR-104.579.2	348	252	168	260	7	265
VOYHTmiR-104.579.3	349	252	168	261	7	265
VOYHTmiR-104.579.4	350	253	168	260	7	268
VOYHTmiR-104.579.5	367	252	170	263	30	265
VOYHTmiR-104.579.6	351	254	168	260	7	268
VOYHTmiR-104.579.7	352	255	168	260	29	265
VOYHTmiR-104.579.8	353	252	169	262	7	265
VOYHTmiR-104.579.9	354	256	168	260	7	269
VOYHTmiR-104.894	300	251	107	257	5	266
VOYHTmiR-104.907	306	251	132	257	21	266
VOYHTmiR-109.016	337	251	133	258	9	266
VOYHTmiR-109.214	272	251	135	258	11	266
VOYHTmiR-109.218	278	251	137	258	13	266
VOYHTmiR-109.219.n	290	251	116	258	3	266
VOYHTmiR-109.257	295	251	138	258	15	266
VOYHTmiR-109.372	313	251	139	258	17	266
VOYHTmiR-109.425	319	251	140	258	19	266
VOYHTmiR-109.579	343	251	105	258	7	266
VOYHTmiR-109.894	301	251	104	258	5	266
VOYHTmiR-109.907	307	251	142	258	21	266
VOYHTmiR-114.016	338	251	144	257	9	267
VOYHTmiR-114.214	273	251	145	257	11	267
VOYHTmiR-114.218	279	251	146	257	13	267
VOYHTmiR-114.219	285	251	109	257	3	267
VOYHTmiR-114.257	296	251	147	257	15	267
VOYHTmiR-114.372	314	251	148	257	17	267
VOYHTmiR-114.425	320	251	149	257	19	267
VOYHTmiR-114.579	344	251	111	257	7	267
VOYHTmiR-114.894	302	251	110	257	5	267

[0792]

VOYHTmiR-114.907	308	251	150	257	21	267
VOYHTmiR-116.016	339	251	133	257	9	267
VOYHTmiR-116.214	274	251	135	257	11	267
VOYHTmiR-116.218	280	251	137	257	13	267
VOYHTmiR-116.219.n	291	251	118	257	3	267
VOYHTmiR-116.257	297	251	138	257	15	267
VOYHTmiR-116.372	315	251	139	257	17	267
VOYHTmiR-116.425	321	251	140	257	19	267
VOYHTmiR-116.579	345	251	114	257	7	267
VOYHTmiR-116.894	303	251	113	257	5	267
VOYHTmiR-116.907	309	251	142	257	21	267
VOYHTmiR-127.016	340	252	133	261	9	268
VOYHTmiR-127.214	275	252	135	261	5	268
VOYHTmiR-127.218	281	252	137	261	13	268
VOYHTmiR-127.219.n	292	252	116	261	3	268
VOYHTmiR-127.257	298	252	138	261	15	268
VOYHTmiR-127.372	316	252	139	261	17	268
VOYHTmiR-127.425	322	252	140	261	19	268
VOYHTmiR-127.579	346	252	105	261	7	268
VOYHTmiR-127.894	304	252	104	261	5	268
VOYHTmiR-127.907	310	252	142	261	21	268

[0793]

[0794] **실시예 7. AAV-miRNA 발현 벡터**

[0795] HTT를 표적화하는 가이드 가닥 및 패신저 가닥을 함유하는 pri-miRNA 카세트를 포함하는 작제물은 AAV-miRNA 발

현 벡터(ss 또는 sc)에 가공하였다. ITR로부터 ITR까지 AAV-miRNA 발현 벡터 작제물은 5'에서 3'으로 언급하여 돌연변이체 또는 야생형 ITR, 프로모터(CMV (SV40 인트론을 포함하는)), U6, H1, CBA (CMVie 인핸서, CB 프로모터 및 SV40 인트론을 포함하는), HTT를 표적화하는 가이드 서열 및 패신저 서열(표 3으로부터)을 함유하는 pri-miRNA 카세트, 토끼 글로빈 폴리A 및 야생형 ITR을 포함한다. 시험관내 및 생체내 연구를 수행하여 AAV-miRNA 발현 벡터의 약리학적 활성을 평가하였다.

[0796] **실시예 8. AAV-miRNA 발현 벡터의 생체내 연구**

[0797] *A. 효능의 생체내 연구*

[0798] YAC128 마우스에서 HTT 억제를 기반으로, 가이드 대 패신저 비율, 및 5' 말단 프로세싱의 정확도, 선택된 AAV-miRNA 발현 벡터는 CBA 프로모터(AAV1.CBA.iHtt)와 함께 AAV1 (ss 또는 sc로서)에 패키징하고, 0.001% F-68을 갖는 포스페이트 완충 식염수 (PBS) 중에 제형화하고 YAC128에 투여하여 효능을 평가하였다. AAV1 벡터는 반구당 10분에 걸쳐 5 uL 중 대략 1E10 내지 3E10 vg의 용량으로 양측면 선조체내 주입을 통해 7 내지 12주령의 YAC128 마우스에 투여하였다. 대조군 그룹은 비히클(0.001% F-68을 갖는 PBS)로 처리하였다. 시험 제품 투여 후, 로타로드 및 포르솔트 스윔 시험(rotarod and Porsolt swim test)은 예정된 시간 간격으로 수행하여 효능을 평가하였다. 투여 후 예정된 날에, 동물을 안락시키고 선조체 조직 펀치를 수거하고 스냅 동결하였다. 조직 샘플을 균질화시키고 전체 RNA를 정제한다. HTT의 상대적 발현은 qRT-PCR에 의해 결정한다. 규정화를 위한 하우스키핑 유전자는 마우스 XPNPEP1을 포함하였다. HTT는 하우스키핑 유전자 발현으로 규정화하였고 이어서 추가로 비히클 그룹으로 규정화하였다. 샘플은 또한 HTT 단백질을 정량하기 위해 사용한다.

[0799] B. HTT 억제의 NHP에서 생체내 연구, 가이드 대 패신저 비율 및 프로세싱의 5' 말단 정확도

[0800] YAC128 마우스에서 HTT 억제를 기반으로, 가이드 대 패신저 비율, 및 5' 말단 프로세싱의 정확도, 선택된 AAV-miRNA 발현 벡터는 CBA 프로모터(AAV1.CBA.iHtt)와 함께 AAV1에 패키징하고, 0.001% F-68을 갖는 포스페이트 완충 식염수 (PBS) 중에 제형화하고 뇌실질내 뇌 주입에 의해 비-사람 영장류에 투여하였다. 대조군 그룹은 비히클(0.001% F-68을 갖는 PBS)로 처리하였다. HTT mRNA의 상대적 발현, 라이드 대 패신저 비율, 5' 말단 프로세싱의 정확도는 투여 후 예정된 시점에서 다양한 조직 샘플 중에서 결정한다.

[0801] 본 발명은 여러 기재된 구현예와 관련하여 일부 범위 및 일부 특정하게 기재되었지만, 이것이 임의의 특정 사항 또는 구현예 또는 임의의 특정 구현예로 제한되어야만 하는 것으로 의도되지 않고 첨부된 특허청구범위를 참조하여 선행 기술 분야의 관점에서 상기 특허청구범위의 가능한 가장 광범위한 해석을 제공함에 따라서 본 발명의 의도된 범위를 효과적으로 포괄하는 것으로 해석되어야만 한다.

[0802] 본원에 언급된 모든 공보, 특허 출원, 특허 및 다른 참조문헌은 이들의 전문이 참조로 인용된다. 모순이 있는 경우, 정의를 포함하는 본원의 개시내용이 제어할 것이다. 추가로, 섹션 제목, 재료, 방법 및 예시는 단지 설명을위한 것이고 제한하는 것으로 의도되지 않는다.

서 열 목 록

<110> VOYAGER THERAPEUTICS, INC.

<120> COMPOSITIONS AND METHODS OF TREATING HUNTINGTON'S DISEASE

<130> 2057.1035PCT

<140> PCT/US2017/XXXXXX

<141> 2017-05-18

<150> 62/485,049

<151> 2017-04-13

<150> 62/338,113

<151> 2016-05-18

<160> 1283

<170> KopatentIn version 3.0

<210> 1

<211> 3137

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Met Ala Thr Leu Glu Lys Leu Met Lys Ala Phe Glu Ser Leu Lys Ser
1 5 10 15

Phe Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln
20 25 30

Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro
35 40 45

Pro Pro Pro Gln Leu Pro Gln Pro Pro Pro Gln Ala Gln Pro Leu Leu
50 55 60

Pro Gln Pro Gln Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Gly Pro
65 70 75 80

Ala Val Ala Glu Glu Pro Leu His Arg Pro Lys Lys Glu Leu Ser Ala
85 90 95

Thr Lys Lys Asp Arg Val Asn His Cys Leu Thr Ile Cys Glu Asn Ile
100 105 110

Val Ala Gln Ser Val Arg Asn Ser Pro Glu Phe Gln Lys Leu Leu Gly
115 120 125

Ile Ala Met Glu Leu Phe Leu Leu Cys Ser Asp Asp Ala Glu Ser Asp
130 135 140

Val Arg Met Val Ala Asp Glu Cys Leu Asn Lys Val Ile Lys Ala Leu
145 150 155 160

Met Asp Ser Asn Leu Pro Arg Leu Gln Leu Glu Leu Tyr Lys Glu Ile
165 170 175

Lys Lys Asn Gly Ala Pro Arg Ser Leu Arg Ala Ala Leu Trp Arg Phe
180 185 190

Ala Glu Leu Ala His Leu Val Arg Pro Gln Lys Cys Arg Pro Tyr Leu
195 200 205

Val Asn Leu Leu Pro Cys Leu Thr Arg Thr Ser Lys Arg Pro Glu Glu

210 215 220

Ser Val Gln Glu Thr Leu Ala Ala Ala Val Pro Lys Ile Met Ala Ser

225 230 235 240

Phe Gly Asn Phe Ala Asn Asp Asn Glu Ile Lys Val Leu Leu Lys Ala

245 250 255

Phe Ile Ala Asn Leu Lys Ser Ser Ser Pro Thr Ile Arg Arg Thr Ala

260 265 270

Ala Gly Ser Ala Val Ser Ile Cys Gln His Ser Arg Arg Thr Gln Tyr

275 280 285

Phe Tyr Ser Trp Leu Leu Asn Val Leu Leu Gly Leu Leu Val Pro Val

290 295 300

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

305 310 315 320

Arg Tyr Leu Val Pro Leu Leu Gln Gln Gln Val Lys Thr Ser Leu Lys

325 330 335

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

340 345 350

Glu Gln Leu Val Gln Val Tyr Glu Leu Thr Leu His His Thr Gln His

355 360 365

Gln Asp His Asn Val Val Thr Gly Ala Leu Glu Leu Leu Gln Gln Leu

370 375 380

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

385 390 395 400

Gly Ile Gly Gln Leu Thr Ala Ala Lys Glu Glu Ser Gly Gly Arg Ser

405 410 415

Arg Ser Gly Ser Ile Val Glu Leu Ile Ala Gly Gly Gly Ser Ser Cys

420 425 430

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

435 440 445

Glu Glu Ala Leu Glu Asp Asp Ser Glu Ser Arg Ser Asp Val Ser Ser

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Thr Glu Gln Pro Arg Ser Gln His Thr Leu Gln Ala Asp Ser Val Asp

500 505 510

Leu Ala Ser Cys Asp Leu Thr Ser Ser Ala Thr Asp Gly Asp Glu Glu

515 520 525

Asp Ile Leu Ser His Ser Ser Ser Gln Val Ser Ala Val Pro Ser Asp

530 535 540

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

545 550 555 560

Asp Ser Ser Gln Thr Thr Thr Glu Gly Pro Asp Ser Ala Val Thr Pro

565 570 575

Ser Asp Ser Ser Glu Ile Val Leu Asp Gly Thr Asp Asn Gln Tyr Leu

580 585 590

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

595 600 605

Ile Leu Pro Asp Glu Ala Ser Glu Ala Phe Arg Asn Ser Ser Met Ala

610 615 620

Leu Gln Gln Ala His Leu Leu Lys Asn Met Ser His Cys Arg Gln Pro

625 630 635 640

Ser Asp Ser Ser Val Asp Lys Phe Val Leu Arg Asp Glu Ala Thr Glu

645 650 655

Pro Gly Asp Gln Glu Asn Lys Pro Cys Arg Ile Lys Gly Asp Ile Gly

660 665 670

Gln Ser Thr Asp Asp Asp Ser Ala Pro Leu Val His Cys Val Arg Leu

675 680 685

Leu Ser Ala Ser Phe Leu Leu Thr Gly Gly Lys Asn Val Leu Val Pro

690 695 700

Asp Arg Asp Val Arg Val Ser Val Lys Ala Leu Ala Leu Ser Cys Val
705 710 715 720
Gly Ala Ala Val Ala Leu His Pro Glu Ser Phe Phe Ser Lys Leu Tyr

725 730 735
Lys Val Pro Leu Thr Thr Glu Tyr Pro Glu Glu Gln Tyr Val Ser Asp
740 745 750
Ile Leu Asn Tyr Ile Asp His Gly Asp Pro Gln Val Arg Gly Ala Thr
755 760 765
Ala Ile Leu Cys Gly Thr Leu Ile Cys Ser Ile Leu Ser Arg Ser Arg
770 775 780
Phe His Val Gly Asp Trp Met Gly Thr Ile Arg Thr Leu Thr Gly Asn

785 790 795 800
Thr Phe Ser Leu Ala Asp Cys Ile Pro Leu Leu Arg Lys Thr Leu Lys
805 810 815
Asp Glu Ser Ser Val Thr Cys Lys Leu Ala Cys Thr Ala Val Arg Asn
820 825 830
Cys Val Met Ser Leu Cys Ser Ser Ser Tyr Ser Glu Leu Gly Leu Gln
835 840 845
Leu Ile Ile Asp Val Leu Thr Leu Arg Asn Ser Ser Tyr Trp Leu Val

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

915 920 925
Ala Ser Leu Ile Arg Leu Val Pro Lys Leu Phe Tyr Lys Cys Asp Gln
930 935 940
Gly Gln Ala Asp Pro Val Val Ala Val Ala Arg Asp Gln Ser Ser Val

945 950 955 960

Tyr Leu Lys Leu Leu Met His Glu Thr Gln Pro Pro Ser His Phe Ser

965 970 975

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

980 985 990

Ile Thr Asp Val Thr Met Glu Asn Asn Leu Ser Arg Val Ile Ala Ala

995 1000 1005

Val Ser His Glu Leu Ile Thr Ser Thr Thr Arg Ala Leu Thr Phe

1010 1015 1020

Gly Cys Cys Glu Ala Leu Cys Leu Leu Ser Thr Ala Phe Pro Val

1025 1030 1035

Cys Ile Trp Ser Leu Gly Trp His Cys Gly Val Pro Pro Leu Ser

1040 1045 1050

Ala Ser Asp Glu Ser Arg Lys Ser Cys Thr Val Gly Met Ala Thr

1055 1060 1065

Met Ile Leu Thr Leu Leu Ser Ser Ala Trp Phe Pro Leu Asp Leu

1070 1075 1080

Ser Ala His Gln Asp Ala Leu Ile Leu Ala Gly Asn Leu Leu Ala

1085 1090 1095

Ala Ser Ala Pro Lys Ser Leu Arg Ser Ser Trp Ala Ser Glu Glu

1100 1105 1110

Glu Ala Asn Pro Ala Ala Thr Lys Gln Glu Glu Val Trp Pro Ala

1115 1120 1125

Leu Gly Asp Arg Ala Leu Val Pro Met Val Glu Gln Leu Phe Ser

1130 1135 1140

His Leu Leu Lys Val Ile Asn Ile Cys Ala His Val Leu Asp Asp

1145 1150 1155

Val Ala Pro Gly Pro Ala Ile Lys Ala Ala Leu Pro Ser Leu Thr

1160 1165 1170

Asn Pro Pro Ser Leu Ser Pro Ile Arg Arg Lys Gly Lys Glu Lys

1175 1180 1185

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

1190 1195 1200

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

1205 1210 1215

Thr Thr Ser Lys Ser Ser Ser Leu Gly Ser Phe Tyr His Leu Pro

1220 1225 1230

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

1235 1240 1245

Tyr Lys Val Thr Leu Asp Leu Gln Asn Ser Thr Glu Lys Phe Gly

1250 1255 1260

Gly Phe Leu Arg Ser Ala Leu Asp Val Leu Ser Gln Ile Leu Glu

1265 1270 1275

Leu Ala Thr Leu Gln Asp Ile Gly Lys Cys Val Glu Glu Ile Leu

1280 1285 1290

Gly Tyr Leu Lys Ser Cys Phe Ser Arg Glu Pro Met Met Ala Thr

1295 1300 1305

Val Cys Val Gln Gln Leu Leu Lys Thr Leu Phe Gly Thr Asn Leu

1310 1315 1320

Ala Ser Gln Phe Asp Gly Leu Ser Ser Asn Pro Ser Lys Ser Gln

1325 1330 1335

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

1340 1345 1350

Tyr His Tyr Cys Phe Met Ala Pro Tyr Thr His Phe Thr Gln Ala

1355 1360 1365

Leu Ala Asp Ala Ser Leu Arg Asn Met Val Gln Ala Glu Gln Glu

1370 1375 1380

Asn Thr Ser Gly Trp Phe Asp Val Leu Gln Lys Val Ser Thr Gln

1385 1390 1395

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

1400 1405 1410

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

1415 1420 1425

Lys Ala Leu Lys Gln Tyr Thr Thr Thr Thr Cys Val Gln Leu Gln

1430 1435 1440

Lys Gln Val Leu Asp Leu Leu Ala Gln Leu Val Gln Leu Arg Val

1445 1450 1455

Asn Tyr Cys Leu Leu Asp Ser Asp Gln Val Phe Ile Gly Phe Val

1460 1465 1470

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

1475 1480 1485

Glu Ala Ile Ile Pro Asn Ile Phe Phe Phe Leu Val Leu Leu Ser

1490 1495 1500

Tyr Glu Arg Tyr His Ser Lys Gln Ile Ile Gly Ile Pro Lys Ile

1505 1510 1515

Ile Gln Leu Cys Asp Gly Ile Met Ala Ser Gly Arg Lys Ala Val

1520 1525 1530

Thr His Ala Ile Pro Ala Leu Gln Pro Ile Val His Asp Leu Phe

1535 1540 1545

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

1550 1555 1560

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

1565 1570 1575

Tyr His Gln Val Leu Glu Met Phe Ile Leu Val Leu Gln Gln Cys

1580 1585 1590

His Lys Glu Asn Glu Asp Lys Trp Lys Arg Leu Ser Arg Gln Ile

1595 1600 1605

Ala Asp Ile Ile Leu Pro Met Leu Ala Lys Gln Gln Met His Ile

1610 1615 1620

Asp Ser His Glu Ala Leu Gly Val Leu Asn Thr Leu Phe Glu Ile

1625 1630 1635

Leu Ala Pro Ser Ser Leu Arg Pro Val Asp Met Leu Leu Arg Ser

1640 1645 1650

Met Phe Val Thr Pro Asn Thr Met Ala Ser Val Ser Thr Val Gln
1655 1660 1665
Leu Trp Ile Ser Gly Ile Leu Ala Ile Leu Arg Val Leu Ile Ser
1670 1675 1680
Gln Ser Thr Glu Asp Ile Val Leu Ser Arg Ile Gln Glu Leu Ser
1685 1690 1695
Phe Ser Pro Tyr Leu Ile Ser Cys Thr Val Ile Asn Arg Leu Arg

1700 1705 1710
Asp Gly Asp Ser Thr Ser Thr Leu Glu Glu His Ser Glu Gly Lys
1715 1720 1725
Gln Ile Lys Asn Leu Pro Glu Glu Thr Phe Ser Arg Phe Leu Leu
1730 1735 1740
Gln Leu Val Gly Ile Leu Leu Glu Asp Ile Val Thr Lys Gln Leu
1745 1750 1755
Lys Val Glu Met Ser Glu Gln Gln His Thr Phe Tyr Cys Gln Glu

1760 1765 1770
Leu Gly Thr Leu Leu Met Cys Leu Ile His Ile Phe Lys Ser Gly
1775 1780 1785
Met Phe Arg Arg Ile Thr Ala Ala Ala Thr Arg Leu Phe Arg Ser
1790 1795 1800
Asp Gly Cys Gly Gly Ser Phe Tyr Thr Leu Asp Ser Leu Asn Leu
1805 1810 1815
Arg Ala Arg Ser Met Ile Thr Thr His Pro Ala Leu Val Leu Leu

1820 1825 1830
Trp Cys Gln Ile Leu Leu Leu Val Asn His Thr Asp Tyr Arg Trp
1835 1840 1845
Trp Ala Glu Val Gln Gln Thr Pro Lys Arg His Ser Leu Ser Ser
1850 1855 1860
Thr Lys Leu Leu Ser Pro Gln Met Ser Gly Glu Glu Glu Asp Ser
1865 1870 1875
Asp Leu Ala Ala Lys Leu Gly Met Cys Asn Arg Glu Ile Val Arg

1880 1885 1890

Arg Gly Ala Leu Ile Leu Phe Cys Asp Tyr Val Cys Gln Asn Leu

1895 1900 1905

His Asp Ser Glu His Leu Thr Trp Leu Ile Val Asn His Ile Gln

1910 1915 1920

Asp Leu Ile Ser Leu Ser His Glu Pro Pro Val Gln Asp Phe Ile

1925 1930 1935

Ser Ala Val His Arg Asn Ser Ala Ala Ser Gly Leu Phe Ile Gln

1940 1945 1950

Ala Ile Gln Ser Arg Cys Glu Asn Leu Ser Thr Pro Thr Met Leu

1955 1960 1965

Lys Lys Thr Leu Gln Cys Leu Glu Gly Ile His Leu Ser Gln Ser

1970 1975 1980

Gly Ala Val Leu Thr Leu Tyr Val Asp Arg Leu Leu Cys Thr Pro

1985 1990 1995

Phe Arg Val Leu Ala Arg Met Val Asp Ile Leu Ala Cys Arg Arg

2000 2005 2010

Val Glu Met Leu Leu Ala Ala Asn Leu Gln Ser Ser Met Ala Gln

2015 2020 2025

Leu Pro Met Glu Glu Leu Asn Arg Ile Gln Glu Tyr Leu Gln Ser

2030 2035 2040

Ser Gly Leu Ala Gln Arg His Gln Arg Leu Tyr Ser Leu Leu Asp

2045 2050 2055

Arg Phe Arg Leu Ser Thr Met Gln Asp Ser Leu Ser Pro Ser Pro

2060 2065 2070

Pro Val Ser Ser His Pro Leu Asp Gly Asp Gly His Val Ser Leu

2075 2080 2085

Glu Thr Val Ser Pro Asp Lys Asp Trp Tyr Val His Leu Val Lys

2090 2095 2100

Ser Gln Cys Trp Thr Arg Ser Asp Ser Ala Leu Leu Glu Gly Ala

2105 2110 2115

Glu Leu Val Asn Arg Ile Pro Ala Glu Asp Met Asn Ala Phe Met

2120 2125 2130

Met Asn Ser Glu Phe Asn Leu Ser Leu Leu Ala Pro Cys Leu Ser

2135 2140 2145

Leu Gly Met Ser Glu Ile Ser Gly Gly Gln Lys Ser Ala Leu Phe

2150 2155 2160

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

2165 2170 2175

Gln Gln Leu Pro Ala Val His His Val Phe Gln Pro Glu Leu Pro

2180 2185 2190

Ala Glu Pro Ala Ala Tyr Trp Ser Lys Leu Asn Asp Leu Phe Gly

2195 2200 2205

Asp Ala Ala Leu Tyr Gln Ser Leu Pro Thr Leu Ala Arg Ala Leu

2210 2215 2220

Ala Gln Tyr Leu Val Val Val Ser Lys Leu Pro Ser His Leu His

2225 2230 2235

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

2240 2245 2250

Thr Leu Glu Ala Leu Ser Trp His Leu Ile His Glu Gln Ile Pro

2255 2260 2265

Leu Ser Leu Asp Leu Gln Ala Gly Leu Asp Cys Cys Cys Leu Ala

2270 2275 2280

Leu Gln Leu Pro Gly Leu Trp Ser Val Val Ser Ser Thr Glu Phe

2285 2290 2295

Val Thr His Ala Cys Ser Leu Ile Tyr Cys Val His Phe Ile Leu

2300 2305 2310

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

2315 2320 2325

Arg Arg Thr Asn Thr Pro Lys Ala Ile Ser Glu Glu Glu Glu Glu

2330 2335 2340

Val Asp Pro Asn Thr Gln Asn Pro Lys Tyr Ile Thr Ala Ala Cys

2345 2350 2355

Glu Met Val Ala Glu Met Val Glu Ser Leu Gln Ser Val Leu Ala

2360 2365 2370

Leu Gly His Lys Arg Asn Ser Gly Val Pro Ala Phe Leu Thr Pro

2375 2380 2385

Leu Leu Arg Asn Ile Ile Ile Ser Leu Ala Arg Leu Pro Leu Val

2390 2395 2400

Asn Ser Tyr Thr Arg Val Pro Pro Leu Val Trp Lys Leu Gly Trp

2405 2410 2415

Ser Pro Lys Pro Gly Gly Asp Phe Gly Thr Ala Phe Pro Glu Ile

2420 2425 2430

Pro Val Glu Phe Leu Gln Glu Lys Glu Val Phe Lys Glu Phe Ile

2435 2440 2445

Tyr Arg Ile Asn Thr Leu Gly Trp Thr Ser Arg Thr Gln Phe Glu

2450 2455 2460

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

2465 2470 2475

Val Met Glu Gln Glu Glu Ser Pro Pro Glu Glu Thr Glu Arg Thr

2480 2485 2490

Gln Ile Asn Val Leu Ala Val Gln Ala Ile Thr Ser Leu Val Leu

2495 2500 2505

Ser Ala Met Thr Val Pro Val Ala Gly Asn Pro Ala Val Ser Cys

2510 2515 2520

Leu Glu Gln Gln Pro Arg Asn Lys Pro Leu Lys Ala Leu Thr Arg

2525 2530 2535

Phe Gly Arg Lys Leu Ser Ile Ile Arg Gly Ile Val Glu Gln Glu

2540 2545 2550

Ile Gln Ala Met Val Ser Lys Arg Glu Asn Ile Ala Thr His His

2555 2560 2565

Leu Tyr Gln Ala Trp Asp Pro Val Pro Ser Leu Ser Pro Ala Thr

2570 2575 2580

Thr Gly Ala Leu Ile Ser His Glu Lys Leu Leu Leu Gln Ile Asn

2585 2590 2595

Pro Glu Arg Glu Leu Gly Ser Met Ser Tyr Lys Leu Gly Gln Val

2600 2605 2610

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

2615 2620 2625

Glu Glu Glu Trp Asp Glu Glu Glu Glu Glu Glu Ala Asp Ala Pro

2630 2635 2640

Ala Pro Ser Ser Pro Pro Thr Ser Pro Val Asn Ser Arg Lys His

2645 2650 2655

Arg Ala Gly Val Asp Ile His Ser Cys Ser Gln Phe Leu Leu Glu

2660 2665 2670

Leu Tyr Ser Arg Trp Ile Leu Pro Ser Ser Ser Ala Arg Arg Thr

2675 2680 2685

Pro Ala Ile Leu Ile Ser Glu Val Val Arg Ser Leu Leu Val Val

2690 2695 2700

Ser Asp Leu Phe Thr Glu Arg Asn Gln Phe Glu Leu Met Tyr Val

2705 2710 2715

Thr Leu Thr Glu Leu Arg Arg Val His Pro Ser Glu Asp Glu Ile

2720 2725 2730

Leu Ala Gln Tyr Leu Val Pro Ala Thr Cys Lys Ala Ala Ala Val

2735 2740 2745

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

2750 2755 2760

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

2765 2770 2775

Leu His Gly Val Leu Tyr Val Leu Glu Cys Asp Leu Leu Asp Thr

2780 2785 2790

Ala Lys Gln Leu Ile Pro Val Ile Ser Asp Tyr Leu Leu Ser Asn

2795 2800 2805

Leu Lys Gly Ile Ala His Cys Val Asn Ile His Ser Gln Gln His

2810 2815 2820

Val Leu Val Met Cys Ala Thr Ala Phe Tyr Leu Ile Glu Asn Tyr

2825 2830 2835

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

2840 2845 2850

Cys Gly Val Met Leu Ser Gly Ser Glu Glu Ser Thr Pro Ser Ile

2855 2860 2865

Ile Tyr His Cys Ala Leu Arg Gly Leu Glu Arg Leu Leu Leu Ser

2870 2875 2880

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

2885 2890 2895

Val Asp Arg Val Asn Val His Ser Pro His Arg Ala Met Ala Ala

2900 2905 2910

Leu Gly Leu Met Leu Thr Cys Met Tyr Thr Gly Lys Glu Lys Val

2915 2920 2925

Ser Pro Gly Arg Thr Ser Asp Pro Asn Pro Ala Ala Pro Asp Ser

2930 2935 2940

Glu Ser Val Ile Val Ala Met Glu Arg Val Ser Val Leu Phe Asp

2945 2950 2955

Arg Ile Arg Lys Gly Phe Pro Cys Glu Ala Arg Val Val Ala Arg

2960 2965 2970

Ile Leu Pro Gln Phe Leu Asp Asp Phe Phe Pro Pro Gln Asp Ile

2975 2980 2985

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

2990 2995 3000

Pro Gln Phe Met Ala Thr Val Val Tyr Lys Val Phe Gln Thr Leu

3005 3010 3015

His Ser Thr Gly Gln Ser Ser Met Val Arg Asp Trp Val Met Leu

3020 3025 3030

Ser Leu Ser Asn Phe Thr Gln Arg Ala Pro Val Ala Met Ala Thr

3035 3040 3045

Trp Ser Leu Ser Cys Phe Phe Val Ser Ala Ser Thr Ser Pro Trp

3050 3055 3060

Val Ala Ala Ile Leu Pro His Val Ile Ser Arg Met Gly Lys Leu

3065 3070 3075

Glu Gln Val Asp Val Asn Leu Phe Cys Leu Val Ala Thr Asp Phe

3080 3085 3090

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

3095 3100 3105

Ser Val Leu Glu Val Val Ala Ala Pro Gly Ser Pro Tyr His Arg

3110 3115 3120

Leu Leu Thr Cys Leu Arg Asn Val His Lys Val Thr Thr Cys

3125 3130 3135

<210> 2

<211> 13669

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400>

2

ttgctgtgtg aggcagaacc tgcgggggca ggggcgggct ggttccctgg ccagccattg 60

gcagagtccg caggctaggg ctgtcaatca tgctggccgg cgtggccccg cctccgccgg 120

cgcggccccg cctccgccgg cgcagcgtct gggacgcaag gcgccgtggg ggctgccggg 180

acgggtccaa gatggacggc cgctcaggtt ctgcttttac ctgcggccca gagccccatt 240

cattgccccg gtgctgagcg gcgccgcgag tcggcccgag gcctccgggg actgccgtgc 300

cgggcgggag accgccatgg cgaccctgga aaagctgatg aaggccttcg agtccctcaa 360

gtccttccag cagcagcagc agcagcagca gcagcagcag cagcagcagc agcagcagca 420

gcagcagcag caacagccgc caccgccgcc gccgccgccg ccgcctcctc agcttcctca 480

gccgccgccg caggcacagc cgctgctgcc tcagccgcag ccgcccccgc cgccgccccc 540

gccgccaccc ggcccggctg tggctgagga gccgctgcac cgaccaaaga aagaactttc 600

agctaccaag aaagaccgtg tgaatcattg tctgacaata tgtgaaaaca tagtggcaca 660

gtctgtcaga aattctccag aatttcagaa acttctgggc atcgctatgg aacttttttct 720

gctgtgcagt gatgacgcag agtcagatgt caggatggtg gctgacgaat gcctcaacaa 780

agttatcaaa gctttgatgg attctaatct tccaaggtta cagctcgagc tctataagga 840

aattaaaaag aatggtgccc ctcggagttt gcgtgctgcc ctgtggaggt ttgctgagct 900

ggctcacctg gttcggcctc agaaatgcag gccttacctg gtgaaccttc tgccgtgcct 960

gactcgaaca agcaagagac ccgaagaatc agtccaggag accttggctg cagctgttcc 1020

caaaattatg gcttcttttg gcaattttgc aaatgacaat gaaattaagg ttttgttaaa 1080

ggccttcata gcgaacctga agtcaagctc ccccaccatt cggcggacag cggctggatc 1140

agcagtgagc atctgccagc actcaagaag gacacaatat ttctatagtt ggctactaaa 1200

tgtgctctta ggcttactcg ttcctgtcga ggatgaacac tccactctgc tgattcttgg 1260

cgtgctgctc accctgaggt atttggtgcc cttgctgcag cagcaggtca aggacacaag 1320

cctgaaaggc agcttcggag tgacaaggaa agaaatggaa gtctctcctt ctgcagagca 1380

gcttgtccag gtttatgaac tgacgttaca tcatacacag caccaagacc acaatgttgt 1440

gaccggagcc ctggagctgt tgcagcagct cttcagaacg cctccacccg agcttctgca 1500

aaccctgacc gcagtcgggg gcattgggca gctcaccgct gctaaggagg agtctggtgg 1560

ccgaagccgt agtgggagta ttgtggaact tatagctgga gggggttcct catgcagccc 1620

tgtcctttca agaaaacaaa aaggcaaagt gctcttagga gaagaagaag ccttggagga 1680

tgactctgaa tcgagatcgg atgtcagcag ctctgcctta acagcctcag tgaaggatga 1740

gatcagtgga gagctggctg cttcttcagg ggtttccact ccagggtcag caggtcatga 1800

catcatcaca gaacagccac ggtcacagca cacactgcag gcggactcag tggatctggc 1860

cagctgtgac ttgacaagct ctgccactga tggggatgag gaggatatct tgagccacag 1920

ctccagccag gtcagcgccg tcccatctga ccctgccatg gacctgaatg atgggaccca 1980

ggcctcgtcg cccatcagcg acagctccca gaccaccacc gaagggcctg attcagctgt 2040

taccccttca gacagttctg aaattgtgtt agacggtacc gacaaccagt atttgggcct 2100

gcagattgga cagccccagg atgaagatga ggaagccaca ggtattcttc ctgatgaagc 2160

ctcggaggcc ttcaggaact cttccatggc ccttcaacag gcacatttat tgaaaaacat 2220

gagtcactgc aggcagcctt ctgacagcag tgttgataaa tttgtgttga gagatgaagc 2280

tactgaaccg ggtgatcaag aaaacaagcc ttgccgcatc aaaggtgaca ttggacagtc 2340

cactgatgat gactctgcac ctcttgtcca ttgtgtccgc cttttatctg cttcgttttt 2400

gctaacaggg ggaaaaaatg tgctggttcc ggacagggat gtgagggtca gcgtgaaggc 2460

cctggccctc agctgtgtgg gagcagctgt ggccctccac ccggaatctt tcttcagcaa 2520

actctataaa gttcctcttg acaccacgga ataccctgag gaacagtatg tctcagacat 2580

cttgaactac atcgatcatg gagacccaca ggttcgagga gccactgcca ttctctgtgg 2640

gaccctcatc tgctccatcc tcagcaggtc ccgcttccac gtgggagatt ggatgggcac 2700

cattagaacc ctcacaggaa atacattttc tttggcggat tgcattcctt tgctgcggaa 2760

aacactgaag gatgagtctt ctgttacttg caagttagct tgtacagctg tgaggaactg 2820

tgtcatgagt ctctgcagca gcagctacag tgagttagga ctgcagctga tcatcgatgt 2880

gctgactctg aggaacagtt cctattggct ggtgaggaca gagcttctgg aaacccttgc 2940

agagattgac ttcaggctgg tgagcttttt ggaggcaaaa gcagaaaact tacacagagg 3000

ggctcatcat tatacagggc ttttaaaact gcaagaacga gtgctcaata atgttgtcat 3060

ccatttgctt ggagatgaag accccagggt gcgacatgtt gccgcagcat cactaattag 3120

gcttgtccca aagctgtttt ataaatgtga ccaaggacaa gctgatccag tagtggccgt 3180

ggcaagagat caaagcagtg tttacctgaa acttctcatg catgagacgc agcctccatc 3240

tcatttctcc gtcagcacaa taaccagaat atatagaggc tataacctac taccaagcat 3300

aacagacgtc actatggaaa ataacctttc aagagttatt gcagcagttt ctcatgaact 3360

aatcacatca accaccagag cactcacatt tggatgctgt gaagctttgt gtcttctttc 3420

cactgccttc ccagtttgca tttggagttt aggttggcac tgtggagtgc ctccactgag 3480

tgcctcagat gagtctagga agagctgtac cgttgggatg gccacaatga ttctgaccct 3540

gctctcgtca gcttggttcc cattggatct ctcagcccat caagatgctt tgattttggc 3600

cggaaacttg cttgcagcca gtgctcccaa atctctgaga agttcatggg cctctgaaga 3660

agaagccaac ccagcagcca ccaagcaaga ggaggtctgg ccagccctgg gggaccgggc 3720

cctggtgccc atggtggagc agctcttctc tcacctgctg aaggtgatta acatttgtgc 3780

ccacgtcctg gatgacgtgg ctcctggacc cgcaataaag gcagccttgc cttctctaac 3840

aaaccccccct tctctaagtc ccatccgacg aaaggggaag gagaaagaac caggagaaca 3900

agcatctgta ccgttgagtc ccaagaaagg cagtgaggcc agtgcagctt ctagacaatc 3960

tgatacctca ggtcctgtta caacaagtaa atcctcatca ctggggagtt tctatcatct 4020

tccttcatac ctcaaactgc atgatgtcct gaaagctaca cacgctaact acaaggtcac 4080

gctggatctt cagaacagca cggaaaagtt tggagggttt ctccgctcag ccttggatgt 4140

tctttctcag atactagagc tggccacact gcaggacatt gggaagtgtg ttgaagagat 4200

cctaggatac ctgaaatcct gctttagtcg agaaccaatg atggcaactg tttgtgttca 4260

acaattgttg aagactctct ttggcacaaa cttggcctcc cagtttgatg gcttatcttc 4320

caaccccagc aagtcacaag gccgagcaca gcgccttggc tcctccagtg tgaggccagg 4380

cttgtaccac tactgcttca tggccccgta cacccacttc acccaggccc tcgctgacgc 4440

cagcctgagg aacatggtgc aggcggagca ggagaacgac acctcgggat ggtttgatgt 4500

cctccagaaa gtgtctaccc agttgaagac aaacctcacg agtgtcacaa agaaccgtgc 4560

agataagaat gctattcata atcacattcg tttgtttgaa cctcttgtta taaaagcttt 4620

aaaacagtac acgactacaa catgtgtgca gttacagaag caggttttag atttgctggc 4680
gcagctggtt cagttacggg ttaattactg tcttctggat tcagatcagg tgtttattgg 4740
ctttgtattg aaacagtttg aatacattga agtgggccag ttcagggaat cagaggcaat 4800
cattccaaac atctttttct tcttggtatt actatcttat gaacgctatc attcaaaaca 4860
gatcattgga attcctaaaa tcattcagct ctgtgatggc atcatggcca gtggaaggaa 4920
ggctgtgaca catgccatac cggctctgca gcccatagtc cacgacctct ttgtattaag 4980
aggaacaaat aaagctgatg caggaaaaga gcttgaaacc caaaaagagg tggtggtgtc 5040

aatgttactg agactcatcc agtaccatca ggtgttggag atgttcattc ttgtcctgca 5100
gcagtgccac aaggagaatg aagacaagtg gaagcgactg tctcgacaga tagctgacat 5160
catcctccca atgttagcca aacagcagat gcacattgac tctcatgaag cccttggagt 5220
gttaaataca ttatttgaga ttttggcccc ttcctccctc cgtccggtag acatgctttt 5280
acggagtatg ttcgtcactc caaacacaat ggcgtccgtg agcactgttc aactgtggat 5340
atcgggaatt ctggccattt tgagggttct gatttcccag tcaactgaag atattgttct 5400
ttctcgtatt caggagctct ccttctctcc gtatttaatc tcctgtacag taattaatag 5460

gttaagagat ggggacagta cttcaacgct agaagaacac agtgaaggga aacaaataaa 5520
gaatttgcca gaagaaacat tttcaaggtt tctattacaa ctggttggta ttcttttaga 5580
agacattgtt acaaaacagc tgaaggtgga aatgagtgag cagcaacata ctttctattg 5640
ccaggaacta ggcacactgc taatgtgtct gatccacatc ttcaagtctg gaatgttccg 5700
gagaatcaca gcagctgcca ctaggctgtt ccgcagtgat ggctgtggcg gcagtttcta 5760
caccctggac agcttgaact tgcgggctcg ttccatgatc accacccacc cggccctggt 5820
gctgctctgg tgtcagatac tgctgcttgt caaccacacc gactaccgct ggtgggcaga 5880

agtgcagcag accccgaaaa gacacagtct gtccagcaca aagttactta gtccccagat 5940
gtctggagaa gaggaggatt ctgacttggc agccaaactt ggaatgtgca atagagaaat 6000
agtacgaaga ggggctctca ttctcttctg tgattatgtc tgtcagaacc tccatgactc 6060
cgagcactta acgtggctca ttgtaaatca cattcaagat ctgatcagcc tttcccacga 6120
gcctccagta caggacttca tcagtgccgt tcatcggaac tctgctgcca gcggcctgtt 6180
catccaggca attcagtctc gttgtgaaaa cctttcaact ccaaccatgc tgaagaaaac 6240
tcttcagtgc ttggagggga tccatctcag ccagtcggga gctgtgctca cgctgtatgt 6300

ggacaggctt ctgtgcaccc ctttccgtgt gctggctcgc atggtcgaca tccttgcttg 6360

tcgccgggta gaaatgcttc tggctgcaaa tttacagagc agcatggccc agttgccaat 6420

ggaagaactc aacagaatcc aggaatacct tcagagcagc gggctcgctc agagacacca 6480

aaggctctat tccctgctgg acaggtttcg tctctccacc atgcaagact cacttagtcc 6540

ctctcctcca gtctcttccc acccgctgga cggggatggg cacgtgtcac tggaaacagt 6600

gagtccggac aaagactggt acgttcatct tgtcaaatcc cagtgttgga ccaggtcaga 6660

ttctgcactg ctggaaggtg cagagctggt gaatcggatt cctgctgaag atatgaatgc 6720

cttcatgatg aactcggagt tcaacctaag cctgctagct ccatgcttaa gcctagggat 6780

gagtgaaatt tctggtggcc agaagagtgc ccttttgaa gcagcccgtg aggtgactct 6840

ggcccgtgtg agcggcaccg tgcagcagct ccctgctgtc catcatgtct tccagcccga 6900

gctgcctgca gagccggcgg cctactggag caagttgaat gatctgtttg gggatgctgc 6960

actgtatcag tccctgccca ctctggcccg ggccctggca cagtacctgg tggtggtctc 7020

caaactgccc agtcatttgc accttcctcc tgagaaagag aaggacattg tgaaattcgt 7080

ggtggcaacc cttgaggccc tgtcctggca tttgatccat gagcagatcc cgctgagtct 7140

ggatctccag gcagggctgg actgctgctg cctggccctg cagctgcctg gcctctggag 7200

cgtggtctcc tccacagagt ttgtgaccca cgcctgctcc ctcatctact gtgtgcactt 7260

catcctggag gccgttgcag tgcagcctgg agagcagctt cttagtccag aaagaaggac 7320

aaatacccca aaagccatca gcgaggagga ggaggaagta gatccaaaca cacagaatcc 7380

taagtatatc actgcagcct gtgagatggt ggcagaaatg gtggagtctc tgcagtcggt 7440

gttggccttg ggtcataaaa ggaatagcgg cgtgccggcg tttctcacgc cattgctaag 7500

gaacatcatc atcagcctgg cccgcctgcc ccttgtcaac agctacacac gtgtgccccc 7560

actggtgtgg aagcttggat ggtcacccaa accgggaggg gattttggca cagcattccc 7620

tgagatcccc gtggagttcc tccaggaaaa ggaagtcttt aaggagttca tctaccgcat 7680

caacacacta ggctggacca gtcgtactca gtttgaagaa acttgggcca ccctccttgg 7740

tgtcctggtg acgcagcccc tcgtgatgga gcaggaggag agcccaccag aagaagacac 7800

agagaggacc cagatcaacg tcctggccgt gcaggccatc acctcactgg tgctcagtgc 7860

aatgactgtg cctgtggccg gcaacccagc tgtaagctgc ttggagcagc agccccggaa 7920

caagcctctg aaagctctcg acaccaggtt tgggaggaag ctgagcatta tcagagggat 7980

tgtggagcaa gagattcaag caatggtttc aaagagagag aatattgcca cccatcattt 8040

atatcaggca tgggatcctg tcccttctct gtctccggct actacaggtg ccctcatcag 8100

ccacgagaag ctgctgctac agatcaaccc cgagcgggag ctggggagca tgagctacaa 8160

actcggccag gtgtccatac actccgtgtg gctggggaac agcatcacac ccctgaggga 8220

ggaggaatgg gacgaggaag aggaggagga ggccgacgcc cctgcacctt cgtcaccacc 8280

cacgtctcca gtcaactcca ggaaacaccg ggctggagtt gacatccact cctgttcgca 8340

gtttttgctt gagttgtaca gccgctggat cctgccgtcc agctcagcca ggaggacccc 8400

ggccatcctg atcagtgagg tggtcagatc ccttctagtg gtctcagact tgttcaccga 8460

gcgcaaccag tttgagctga tgtatgtgac gctgacagaa ctgcgaaggg tgcacccttc 8520

agaagacgag atcctcgctc agtacctggt gcctgccacc tgcaaggcag ctgccgtcct 8580

tgggatggac aaggccgtgg cggagcctgt cagccgcctg ctggagagca cgctcaggag 8640

cagccacctg cccagcaggg ttggagccct gcacggcgtc ctctatgtgc tggagtgcga 8700

cctgctggac gacactgcca agcagctcat cccggtcatc agcgactatc tcctctccaa 8760

cctgaaaggg atcgcccact gcgtgaacat tcacagccag cagcacgtac tggtcatgtg 8820

tgccactgcg ttttacctca ttgagaacta tcctctggac gtagggccgg aattttcagc 8880

atcaataata cagatgtgtg gggtgatgct gtctggaagt gaggagtcca ccccctccat 8940

catttaccac tgtgccctca gaggcctgga gcgcctcctg ctctctgagc agctctcccg 9000

cctggatgca gaatcgctgg tcaagctgag tgtggacaga gtgaacgtgc acagcccgca 9060

ccgggccatg gcggctctgg gcctgatgct cacctgcatg tacacaggaa aggagaaagt 9120

cagtccgggt agaacttcag accctaatcc tgcagccccc gacagcgagt cagtgattgt 9180

tgctatggag cgggtatctg ttctttttga taggatcagg aaaggctttc cttgtgaagc 9240

cagagtggtg gccaggatcc tgccccagtt tctagacgac ttcttcccac cccaggacat 9300

catgaacaaa gtcatcggag agtttctgtc caaccagcag ccataccccc agttcatggc 9360

caccgtggtg tataaggtgt ttcagactct gcacagcacc gggcagtcgt ccatggtccg 9420

ggactgggtc atgctgtccc tctccaactt cacgcagagg gccccggtcg ccatggccac 9480

gtggagcctc tcctgcttct ttgtcagcgc gtccaccagc ccgtgggtcg cggcgatcct 9540

cccacatgtc atcagcagga tgggcaagct ggagcaggtg gacgtgaacc ttttctgcct 9600

ggtcgccaca gacttctaca gacaccagat agaggaggag ctcgaccgca gggccttcca 9660

gtctgtgctt gaggtggttg cagccccagg aagcccatat caccggctgc tgacttgttt 9720

acgaaatgtc cacaaggtca ccacctgctg agcgccatgg tgggagagac tgtgaggcgg 9780

cagctggggc cggagccttt ggaagtctgc gcccttgtgc cctgcctcca ccgagccagc 9840

ttggtcccta tgggcttccg cacatgccgc gggcggccag gcaacgtgcg tgtctctgcc 9900

atgtggcaga agtgctcttt gtggcagtgg ccaggcaggg agtgtctgca gtcctggtgg 9960

ggctgagcct gaggccttcc agaaagcagg agcagctgtg ctgcacccca tgtgggtgac 10020

caggtccttt ctcctgatag tcacctgctg gttgttgcca ggttgcagct gctcttgcat 10080

ctgggccaga agtcctccct cctgcaggct ggctgttggc ccctctgctg tcctgcagta 10140

gaaggtgccg tgagcaggct ttgggaacac tggcctgggt ctccctggtg gggtgtgcat 10200

gccacgcccc gtgtctggat gcacagatgc catggcctgt gctgggccag tggctggggg 10260

tgctagacac ccggcaccat tctcccttct ctcttttctt ctcaggattt aaaatttaat 10320

tatatcagta aagagattaa ttttaacgta actctttcta tgcccgtgta aagtatgtga 10380

atcgcaaggc ctgtgctgca tgcgacagcg tccggggtgg tggacagggc ccccggccac 10440

gctccctctc ctgtagccac tggcatagcc ctcctgagca cccgctgaca tttccgttgt 10500

acatgttcct gtttatgcat tcacaaggtg actgggatgt agagaggcgt tagtgggcag 10560

gtggccacag caggactgag gacaggcccc cattatccta ggggtgcgct cacctgcagc 10620

ccctcctcct cgggcacaga cgactgtcgt tctccaccca ccagtcaggg acagcagcct 10680

ccctgtcact cagctgagaa ggccagccct ccctggctgt gagcagcctc cactgtgtcc 10740

agagacatgg gcctcccact cctgttcctt gctagccctg gggtggcgtc tgcctaggag 10800

ctggctggca ggtgttggga cctgctgctc catggatgca tgccctaaga gtgtcactga 10860

gctgtgtttt gtctgagcct ctctcggtca acagcaaagc ttggtgtctt ggcactgtta 10920

gtgacagagc ccagcatccc ttctgccccc gttccagctg acatcttgca cggtgacccc 10980

ttttagtcag gagagtgcag atctgtgctc atcggagact gccccacggc cctgtcagag 11040

ccgccactcc tatccccagg ccaggtccct ggaccagcct cctgtttgca ggcccagagg 11100

agccaagtca ttaaaatgga agtggattct ggatggccgg gctgctgctg atgtaggagc 11160

tggatttggg agctctgctt gccgactggc tgtgagacga ggcaggggct ctgcttcctc 11220

agccctagag gcgagccagg caaggttggc gactgtcatg tggcttggtt tggtcatgcc 11280

cgtcgatgtt ttgggtattg aatgtggtaa gtggaggaaa tgttggaact ctgtgcaggt 11340

gctgccttga gacccccaag cttccacctg tccctctcct atgtggcagc tggggagcag 11400

ctgagatgtg gacttgtatg ctgcccacat acgtgagggg gagctgaaag ggagcccctc 11460

ctctgagcag cctctgccag gcctgtatga ggcttttccc accagctccc aacagaggcc 11520

tcccccagcc aggaccacct cgtcctcgtg gcggggcagc aggagcggta gaaaggggtc 11580

cgatgtttga ggaggccctt aagggaagct actgaattat aacacgtaag aaaatcacca 11640

ttccgtattg gttgggggct cctgtttctc atcctagctt tttcctggaa agcccgctag 11700

aaggtttggg aacgagggga aagttctcag aactgttggc tgctccccac ccgcctcccg 11760

cctccccgc aggttatgtc agcagctctg agacagcagt atcacaggcc agatgttgtt 11820

cctggctaga tgtttacatt tgtaagaaat aacactgtga atgtaaaaca gagccattcc 11880

cttggaatgc atatcgctgg gctcaacata gagtttgtct tcctcttgtt tacgacgtga 11940

tctaaaccag tccttagcaa ggggctcaga acaccccgct ctggcagtag gtgtccccca 12000

cccccaaaga cctgcctgtg tgctccggag atgaatatga gctcattagt aaaaatgact 12060

tcacccacgc atatacataa agtatccatg catgtgcata tagacacatc tataatttta 12120

cacacacacc tctcaagacg gagatgcatg gcctctaaga gtgcccgtgt cggttcttcc 12180

tggaagttga ctttccttag acccgccagg tcaagttagc cgcgtgacgg acatccaggc 12240

gtgggacgtg gtcagggcag ggctcattca ttgcccacta ggatcccact ggcgaagatg 12300

gtctccatat cagctctctg cagaagggag gaagacttta tcatgttcct aaaaatctgt 12360

ggcaagcacc catcgtatta tccaaatttt gttgcaaatg tgattaattt ggttgtcaag 12420

ttttgggggt gggctgtggg gagattgctt ttgttttcct gctggtaata tcgggaaaga 12480

ttttaatgaa accagggtag aattgtttgg caatgcactg aagcgtgttt ctttcccaaa 12540

atgtgcctcc cttccgctgc gggcccagct gagtctatgt aggtgatgtt tccagctgcc 12600

aagtgctctt tgttactgtc caccctcatt tctgccagcg catgtgtcct ttcaagggga 12660

aaatgtgaag ctgaaccccc tccagacacc cagaatgtag catctgagaa ggccctgtgc 12720

cctaaaggac acccctcgcc cccatcttca tggagggggt catttcagag ccctcggagc 12780

caatgaacag ctcctcctct tggagctgag atgagcccca cgtggagctc gggacggata 12840

gtagacagca ataactcggt gtgtggccgc ctggcaggtg gaacttcctc ccgttgcggg 12900

gtggagtgag gttagttctg tgtgtctggt gggtggagtc aggcttctct tgctacctgt 12960

gagcatcctt cccagcagac atcctcatcg ggctttgtcc ctcccccgct tcctccctct 13020

gcggggagga cccgggacca cagctgctgg ccagggtaga cttggagctg tcctccagag 13080

gggtcacgtg taggagtgag aagaaggaag atcttgagag ctgctgaggg accttggaga 13140

gctcaggatg gctcagacga ggacactcgc ttgccgggcc tgggcctcct gggaaggagg 13200

gagctgctca gaatgccgca tgacaactga aggcaacctg gaaggttcag gggccgctct 13260

tcccccatgt gcctgtcacg ctctggtgca gtcaaaggaa cgccttcccc tcagttgttt 13320

ctaagagcag agtctcccgc tgcaatctgg gtggtaactg ccagccttgg aggatcgtgg 13380

ccaacgtgga cctgcctacg gagggtgggc tctgacccaa gtggggcctc cttgtccagg 13440

tctcactgct ttgcaccgtg gtcagaggga ctgtcagctg agcttgagct cccctggagc 13500

cagcagggct gtgatgggcg agtcccggag ccccacccag acctgaatgc ttctgagagc 13560

aaagggaagg actgacgaga gatgtatatt taatttttta actgctgcaa acattgtaca 13620

tccaaattaa aggaaaaaaa tggaaaccat caaaaaaaaa aaaaaaaaa 13669

<210> 3

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 3

uuaacgucag uucauaaacu u 21

<210> 4

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic
oligonucleotide

<400> 4

uuaacgucag uucauaaact t 21

<210> 5

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 5

ugucgguacc gucuaacacu u 21

<210> 6

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic
oligonucleotide

<400> 6

ugucgguacc gucuaacact t 21

<210> 7

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 7

uaagcaugga gcuagcaggu u 21

<210> 8

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic
oligonucleotide

<400> 8

uaagcaugga gcuagcaggt t 21

<210> 9

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 9

uacaacgaga cugaauugcu u 21

<210> 10

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic
oligonucleotide

<400> 10

uacaacgaga cugaauugct t 21

<210> 11

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 11

uucaguucau aaaccuggau u 21

<210> 12

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic
oligonucleotide

<400> 12

uucaguucau aaaccuggat t 21

<210> 13

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 13

uaacgucagu ucauaaaccu u 21

<210> 14

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic
oligonucleotide

<400> 14

uaacgucagu ucauaaacct t 21

<210> 15

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 15

uccggucaca acauuguggu u 21

<210> 16

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic
oligonucleotide

<400> 16

uccggucaca acauuguggt t 21

<210> 17

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 17

uugcacgguu cuuugugacu u 21

<210> 18

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic oligonucleotide

<400> 18

uugcacgguu cuuugugact t 21

<210> 19

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 19

uuuuauaaca agagguucau u 21

<210> 20

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic oligonucleotide

<400> 20

uuuuauaaca agagguucat t 21

<210> 21

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 21

uccaaauacu gguugucggu u 21

<210> 22

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic
oligonucleotide

<400> 22

uccaaauacu gguugucggt t 21

<210> 23

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 23

uauuuuagga auuccaaugu u 21

<210> 24

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic
oligonucleotide

<400> 24

uauuuuagga auuccaaugt t 21

<210> 25

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 25

uuuaggaauu ccaaugaucu u 21

<210> 26

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 26

uuuaggaauu ccaaugauct t 21

<210> 27

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 27

uuaaucucuu uacugauaut t 21

<210> 28

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 28

gauuuuagga auuccaaugt t 21

<210> 29

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 29

uaagcaugga gcuagcaggc uu 22

<210> 30

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 30

uaagcaugga gcuagcaggg u 21

<210> 31

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 31

aaggacuuga gggacucgaa gu 22

<210> 32

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 32

aaggacuuga gggacucgaa g 21

<210> 33

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 33

aaggacuuga gggacucga 19

<210> 34

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 34

aggacuugag ggacucgaag u 21

<210> 35

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 35

gaggacuuga gggacucgaa gu 22

<210> 36

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 36

aaggacuuga gggacucgaa gu 22

<210> 37

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 37

aaggacuuga gggacucgaa guu 23

<210> 38

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 38

aaggacuuga gggacucgaa g 21

<210> 39

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 39

aaggacuuga gggacucga 19

<210> 40

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 40

aaggacuuga gggacucgaa gg 22

<210> 41

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 41

aaggacuuga gggacucgaa u 21

<210> 42

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 42

aaggacuuga gggacucgaa ga 22

<210> 43

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 43

aaggacuuga gggacucgaa gg 22

<210> 44

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 44

aaggacuuga gggacucgaa ggu 23

<210> 45

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 45

aaggacuuga gggacucgaa gga 23

<210> 46

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 46

aaggacuuga gggacucgaa g 21

<210> 47

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 47

aaggacuuga gggacucgaa gu 22

<210> 48

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 48

aaggacuuga gggacucga 19

<210> 49

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 49

aaggacuuga gggacucgaa gga 23

<210> 50

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 50

aaggacuuga gggacucgaa gg 22

<210> 51

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 51

aaggacuuga gggacucgaa ggau 24

<210> 52

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 52

aaggacuuga gggacucgaa ggauu 25

<210> 53

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 53

aaggacuuga gggacucgaa g 21

<210> 54

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 54

aaggacuuga gggacucgaa ggaa 24

<210> 55

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 55

gaugaagugc acacauugga uga 23

<210> 56

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 56

gaugaacugc acacauugga ug 22

<210> 57

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 57

gaugaauugc acacaguaga uga 23

<210> 58

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 58

aaggacuuga gggacucgaa gguu 24

<210> 59

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 59

aaggacuuga gggacucgaa gguuu 25

<210> 60

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 60

aaggacuuga gggacucgaa ggu 23

<210> 61

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 61

aaggacuuga gggacucgaa gguuuu 26

<210> 62

<211> 27

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 62

aaggacuuga gggacucgaa gguuuuu 27

<210> 63

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 63

aaggacuuga gggacucgaa gg 22

<210> 64

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 64

uaaggacuug agggacucga ag 22

<210> 65

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 65

aaggacuuga gggacucgaa g 21

<210> 66

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 66

aaggacuuga gggacucgaa gu 22

<210> 67

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 67

aaggacuuga gggacucgaa gacgaguccc 30

<210> 68

<211> 31

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 68

aaggacuuga gggacucgaa gacgaguccc a 31

<210> 69

<211> 31

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 69

aaggacuuga gggacucgaa gacgaguccc u 31

<210> 70

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 70

gaugaagugc acacauugga uac 23

<210> 71

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 71

gaugaagugc acacauugga uaca 24

<210> 72

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 72

gaugaagugc acacauugga uacaaugugu 30

<210> 73

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 73

gaugaagugc acacauugga u 21

<210> 74

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 74

gaugaagugc acacauugga ua 22

<210> 75

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 75

gaugaauugc acacaguaga uau 23

<210> 76

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 76

gaugaauugc acacaguaga uauac 25

<210> 77

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 77

gaugaauugc acacaguaga uauacugugu 30

<210> 78

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 78

gaugaauugc acacaguaga uaua 24

<210> 79

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 79

augaauugca cacaguagau auac 24

<210> 80

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 80

gaugaauugc acacaguaga ua 22

<210> 81

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 81

gaugaauugc acacaguaga uauacugugu 30

<210> 82

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 82

uacaacgaga cugaauugcu 20

<210> 83

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 83

acaacgagac ugaauugcuu 20

<210> 84

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 84

uccggucaca acauuguggu uc 22

<210> 85

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 85

uccggucaca acauuguggu 20

<210> 86

<211> 18

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 86

uccggucaca acauugug 18

<210> 87

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 87

ccggucacaa cauugugguu 20

<210> 88

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 88

uuuuauaaca agagguucau 20

<210> 89

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 89

uuuauaacaa gagguucauu 20

<210> 90

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 90

uaagcaugga gcuagcaggu 20

<210> 91

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 91

aagcauggag cuagcagguu 20

<210> 92

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 92

ccaaauacug guugucgguu 20

<210> 93

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 93

uacaacgaga cugaauugcu uu 22

<210> 94

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 94

uaacgucagu ucauaaaccu uu 22

<210> 95

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 95

guccggucac aacauugugg uu 22

<210> 96

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 96

uccggucaca acauuguggu uug 23

<210> 97

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 97

uccggucaca acauuguggu uu 22

<210> 98

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 98

uccggucaca acauugugg 19

<210> 99

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 99

uaagcaugga gcuagcaggu uu 22

<210> 100

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 100

aagcauggag cuagcagguu u 21

<210> 101

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 101

uccaaauacu gguugucggu uu 22

<210> 102

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 102

ccaaauacug guugucgguu u 21

<210> 103

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 103

guuuaugaac ugaucuuacc c 21

<210> 104

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 104

guguuagacg guacugaucc c 21

<210> 105

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 105

ccugcuagcu ccaugcuucc c 21

<210> 106

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 106

guuuaugaac ugaucuuagc c 21

<210> 107

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 107

guguuagacg guacugaugc c 21

<210> 108

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 108

ccugcuagcu ccaugcuugc c 21

<210> 109

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 109

guuuaugaag ugaucuuaac c 21

<210> 110

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 110

guguuagacc guacugauac c 21

<210> 111

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 111

ccugcuagca ccaugcuuac c 21

<210> 112

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 112

guuuaugaac ugaucuuaac c 21

<210> 113

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 113

guguuagacg guacugauac c 21

<210> 114

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 114

ccugcuagcu ccaugcuuac c 21

<210> 115

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 115

ccugcuagcu ccaugcuuat t 21

<210> 116

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 116

guuuaugaac ugaucuugcc c 21

<210> 117

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 117

guuuaugaac ugaucuuggc c 21

<210> 118

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 118

guuuaugaac ugaucuugac c 21

<210> 119

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 119

gcaauucagu cucguugucc c 21

<210> 120

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 120

uccagguuua ugaacugacc c 21

<210> 121

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 121

gguuuaugaa cugacguucc c 21

<210> 122

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 122

ccacaauguu gugacuggcc c 21

<210> 123

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 123

gucacaaaga accguguacc c 21

<210> 124

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 124

ugaaccucuu guuauaaacc c 21

<210> 125

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 125

ccgacaacca guauuuggcc c 21

<210> 126

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 126

gcaauucagu cucguugugc c 21

<210> 127

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 127

uccagguuua ugaacugagc c 21

<210> 128

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 128

gguuuaugaa cugacguugc c 21

<210> 129

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 129

ccacaauguu gugacugggc c 21

<210> 130

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 130

gucacaaaga accguguagc c 21

<210> 131

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 131

ugaaccucuu guuauaaagc c 21

<210> 132

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 132

ccgacaacca guauuugggc c 21

<210> 133

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 133

gcaauucagu cucguuguac c 21

<210> 134

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 134

gcaauucagu cucguuguat t 21

<210> 135

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 135

uccagguuua ugaacugaac c 21

<210> 136

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic
oligonucleotide

<400> 136

uccagguuua ugaacugaat t 21

<210> 137

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 137

gguuuaugaa cugacguuac c 21

<210> 138

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 138

ccacaauguu gugacuggac c 21

<210> 139

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 139

gucacaaaga accguguaac c 21

<210> 140

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 140

ugaaccucuu guuauaaaac c 21

<210> 141

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic
oligonucleotide

<400> 141

ugaaccucuu guuauaaaat t 21

<210> 142

<211>

21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 142

ccgacaacca guauuuggac c 21

<210> 143

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic
oligonucleotide

<400> 143

ccgacaacca guauuuggat t 21

<210> 144

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 144

gcaauucaga cucguuguac c 21

<210> 145

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 145

uccagguuuu ugaacugaac c 21

<210> 146

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 146

gguuuaugau cugacguuac c 21

<210> 147

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 147

ccacaaugua gugacuggac c 21

<210> 148

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 148

gucacaaagu accguguaac c 21

<210> 149

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 149

ugaaccucua guuauaaaac c 21

<210> 150

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 150

ccgacaaccu guauuuggac c 21

<210> 151

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 151

cauuggaauu ccuaaaauuc c 21

<210> 152

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 152

gaucauugga auuccuaauc c 21

<210> 153

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 153

cauuggaauu ccuaaaaugc c 21

<210> 154

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 154

gaucauugga auuccuaagc c 21

<210> 155

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 155

cauuggaauu ccuaaaauac c 21

<210> 156

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 156

cauuggaauu ccuaaaauat t 21

<210> 157

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 157

gaucauugga auuccuaaac c 21

<210> 158

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 158

gaucauugga auuccuaaat t 21

<210> 159

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 159

cauuggaaua ccuaaaauac c 21

<210> 160

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 160

gaucauuggu auuccuaaac c 21

<210> 161

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 161

guuuaugaac ugacguuaat t 21

<210> 162

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 162

guguuagacg guaccgacat t 21

<210> 163

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 163

auaucaguaa agagauuaat t 21

<210> 164

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 164

gguuuaugaa cugacguuat t 21

<210> 165

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 165

ccacaauguu gugaccggat t 21

<210> 166

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 166

gucacaaaga accgugcaat t 21

<210> 167

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<220><223> Description of Combined DNA/RNA Molecule: Synthetic

oligonucleotide

<400> 167

cauuggaauu ccuaaaauct t 21

<210> 168

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 168

ccugcuagcu ccaugcuugc u 21

<210> 169

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 169

ccugcuagcu ccaugcuuga u 21

<210> 170

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 170

ccugcuagcu ccaugcuuau u 21

<210> 171

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 171

ccugcuagcu ccaugcuugu u 21

<210> 172

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 172

uucgaguccc ucaaguagcu 20

<210> 173

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 173

uucgaguccc ucaaguagcu uu 22

<210> 174

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 174

ucgagucccu caaguccauu cu 22

<210> 175

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 175

uuccagucca ucaagucaau u 21

<210> 176

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 176

uuccgagucu aaaaguccuu gg 22

<210> 177

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 177

uuccgagucu aaaaguccuu ggc 23

<210> 178

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 178

cuuccgaguc uaaaaguccu ugg 23

<210> 179

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 179

uuccgagucu aaaaguccuu ggu 23

<210> 180

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 180

uuccgagucu aaaaguccuu ggcu 24

<210> 181

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 181

uccaauguga aacuucaucg gcu 23

<210> 182

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 182

uccaauguga aacuucaucg gc 22

<210> 183

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 183

auccaaugug aaacuucauc gu 22

<210> 184

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 184

auccaaugug aaacuucauc ggu 23

<210> 185

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 185

uccaauguga aacuucaucg gu 22

<210> 186

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 186

uccaauguga aacuucaucg gcuu 24

<210> 187

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 187

aucuacugug aaaauucauc gg 22

<210> 188

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 188

ucuacuguga aaauucaucg g 21

<210> 189

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 189

ucuacuguga aaauucaucg gc 22

<210> 190

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 190

aucuacugug aaaauucauc ggu 23

<210> 191

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 191

ucuacuguga aaauucaucg gu 22

<210> 192

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 192

ucuacuguga aaauucaucg gcu 23

<210> 193

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 193

ccuucggucc ucaaguccuu ca 22

<210> 194

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 194

uucgagucca ucaaauccua uagu 24

<210> 195

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 195

uacaaugugu gcacuucaua u 21

<210> 196

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 196

uauacugugu gcaauucauu ucu 23

<210> 197

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 197

gcaauucagu cucguugucc 20

<210> 198

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 198

gcaauucagu cucguuguc 19

<210> 199

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 199

caauucaguc ucguuguccc 20

<210> 200

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 200

caauucaguc ucguugucc 19

<210> 201

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 201

gcaauucagu cucguugugc 20

<210> 202

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 202

caauucaguc ucguugugcc 20

<210> 203

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 203

ccacaauguu gugacugggc cu 22

<210> 204

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 204

ccacaauguu gugacugggc 20

<210> 205

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 205

cacaauguug ugacugggcc 20

<210> 206

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 206

ugaaccucuu guuauaaagc cu 22

<210> 207

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 207

ugaaccucuu guuauaaagc 20

<210> 208

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 208

gaaccucuug uuauaaagcc 20

<210> 209

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 209

ccugcuagcu ccaugcuugc cu 22

<210> 210

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 210

ccugcuagcu ccaugcuugc 20

<210> 211

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 211

ccugcuagcu ccaugcuug 19

<210> 212

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 212

cugcuagcuc caugcuugcc 20

<210> 213

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 213

ccgacaacca guauuugggc cu 22

<210> 214

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 214

ccgacaacca guauuugggc 20

<210> 215

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 215

ccgacaacca guauuuggg 19

<210> 216

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 216

cgacaaccag uauuugggcc 20

<210> 217

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 217

cgacaaccag uauuugggc 19

<210> 218

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 218

gcaauucagu cucguuguac cu 22

<210> 219

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 219

gcaauucagu cucguuguac 20

<210> 220

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 220

gcaauucagu cucguugua 19

<210> 221

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 221

caauucaguc ucguuguacc 20

<210> 222

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 222

gcaauucaga cucguuguac cu 22

<210> 223

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 223

gcaauucaga cucguuguac 20

<210> 224

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 224

gcaauucaga cucguugua 19

<210> 225

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 225

caauucagac ucguuguacc 20

<210> 226

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 226

agcaauucag ucucguugua cc 22

<210> 227

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 227

agcaauucag ucucguugua c 21

<210> 228

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 228

agguuuauga acugacguua c 21

<210> 229

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 229

agguuuauga acugacguua cc 22

<210> 230

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 230

accacaaugu ugugacugga c 21

<210> 231

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 231

accacaaugu ugugacugga cc 22

<210> 232

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 232

ccacaauguu gugacuggac cgu 23

<210> 233

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 233

ccacaauguu gugacuggac cg 22

<210> 234

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 234

ccacaauguu gugacuggac 20

<210> 235

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 235

cacaauguug ugacuggacc 20

<210> 236

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 236

accugcuagc uccaugcuuc cc 22

<210> 237

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 237

accugcuagc uccaugcuuc c 21

<210> 238

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 238

accugcuagc uccaugcuuc 20

<210> 239

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 239

ccugcuagcu ccaugcuucc 20

<210> 240

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 240

ccugcuagcu ccaugcuuc 19

<210> 241

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 241

cugcuagcuc caugcuuccc 20

<210> 242

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 242

cugcuagcuc caugcuucc 19

<210> 243

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 243

accgacaacc aguauuugga cc 22

<210> 244

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 244

accgacaacc aguauuugga c 21

<210> 245

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 245

ccgacaacca guauuuggac cgu 23

<210> 246

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 246

ccgacaacca guauuuggac cgu 23

<210> 247

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 247

ccgacaacca guauuuggac 20

<210> 248

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 248

cgacaaccag uauuuggacc 20

<210> 249

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 249

ccugcuagca ccgugcuuac c 21

<210> 250

<211> 54

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 250

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaa 54

<210> 251

<211> 100

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 251

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga 100

<210> 252

<211> 54

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 252

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccac ggaa 54

<210> 253

<211> 35

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 253

gggcccuccc gcagaacacc augcgcucca cggaa 35

<210> 254

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 254

cucccgcaga acaccaugcg cuccacggaa 30

<210> 255

<211> 55

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 255

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccac ggaag 55

<210> 256

<211> 54

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 256

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccuc ggaa 54

<210> 257

<211> 10

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 257

ugugaccugg 10

<210> 258

<211> 10

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 258

ugugauuugg 10

<210> 259

<211> 18

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 259

gucugcaccu gucacuag 18

<210> 260

<211> 10

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 260

gugacccaag 10

<210> 261

<211> 15

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 261

guggccacug agaag 15

<210> 262

<211> 10

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 262

gugacccaau 10

<210> 263

<211> 10

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 263

gugacccaac 10

<210> 264

<211> 15

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 264

guggccacug agaaa 15

<210> 265

<211> 52

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 265

cugaggagcg ccuugacagc agccauggga gggccgcccc cuaccucagu ga 52

<210> 266

<211> 52

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 266

cuguggagcg ccuugacagc agccauggga gggccgcccc cuaccucagu ga 52

<210> 267

<211> 100

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 267

uggccgugua gugcuaccca gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc 60

ugggcaccag ucagcuaccc uggugggaau cuggguagcc 100

<210> 268

<211> 35

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 268

cugaggagcg ccuugacagc agccauggga gggcc 35

<210> 269

<211> 52

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

oligonucleotide

<400> 269

cugcggagcg ccuugacagc agccauggga gggccgcccc cuaccucagu ga 52

<210> 270

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 270

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaauccagg 60

uuuaugaacu gacccuguga ccugguucag uucauaaacc uggauucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 271

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 271

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaauccagg 60

uuuaugaacu gagccuguga ccugguucag uucauaaacc uggauucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 272

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 272

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaauccagg 60

uuuaugaacu gaaccuguga uuugguucag uucauaaacc uggauucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 273

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 273

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaauccagg 60

uuuuugaacu gaaccuguga ccugguucag uucauaaacc uggauucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 274

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 274

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaauccagg 60

uuuaugaacu gaaccuguga ccugguucag uucauaaacc uggauucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 275

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 275

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga uccagguuua ugaacugaac 120

cgucugcacc ugucacuagu gucgguaccg ucuaacacuu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 276

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 276

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagguuua 60

ugaacugacg uucccuguga ccugguaacg ucaguucaua aaccuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 277

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 277

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagguuua 60

ugaacugacg uugccuguga ccugguaacg ucaguucaua aaccuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 278

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 278

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagguuua 60

ugaacugacg uuaccuguga uuugguaacg ucaguucaua aaccuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 279

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 279

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagguuua 60

ugaucugacg uuaccuguga ccugguaacg ucaguucaua aaccuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 280

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 280

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagguuua 60

ugaacugacg uuaccuguga ccugguaacg ucaguucaua aaccuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 281

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 281

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga gguuuaugaa cugacguuac 120

cgucugcacc ugucacuagu aacgucaguu cauaaaccuu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 282

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 282

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguuuau 60

gaacugaucu uacccuguga ccugguuaac gucaguucau aaacuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 283

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 283

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguuuau 60

gaacugaucu uagccuguga ccugguuaac gucaguucau aaacuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 284

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 284

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguuuau 60

gaacugaucu uacccuguga uuugguuaac gucaguucau aaacuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 285

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 285

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguuuau 60

gaagugaucu uaaccuguga ccugguuaac gucaguucau aaacuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 286

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 286

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguuuau 60

gaacugaucu uaaccuguga ccugguuaac gucaguucau aaacuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 287

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 287

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga guuuaugaac ugaucuuacc 120

cgucugcacc ugucacuagu uaacgucagu ucauaaacuu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

ugguggggaau cuggguagcc 260

<210> 288

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 288

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguuuau 60

gaacugaucu ugcccuguga ccugguuaac gucaguucau aaacuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 289

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 289

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguuuau 60

gaacugaucu uggccuguga ccugguuaac gucaguucau aaacuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 290

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 290

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguuuau 60

gaacugaucu ugcccuguga uuugguuaac gucaguucau aaacuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 291

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 291

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguuuau 60

gaacugaucu ugaccuguga ccugguuaac gucaguucau aaacuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgccccccuac cucaguga 158

<210> 292

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 292

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga guuuaugaac ugaucuugcc 120

cgucugcacc ugucacuagu uaacgucagu ucauaaaacuu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 293

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 293

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccacaa 60

uguugugacu ggcccuguga ccuggcccgg ucacaacauu gugguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgccccccuac cucaguga 158

<210> 294

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 294

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccacaa 60

uguugugacu gggccuguga ccugguccgg ucacaacauu gugguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 295

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 295

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccacaa 60

uguugugacu ggaccuguga uuugguccgg ucacaacauu gugguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 296

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 296

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccacaa 60

uguagugacu ggaccuguga ccugguccgg ucacaacauu gugguucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 297

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 297

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccacaa 60

uguugugacu ggaccuguga ccugguccgg ucacaacauu gugguucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 298

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 298

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga ccacaauguu gugacuggac 120

cgucugcacc ugucacuagu ccggucacaa cauugugguu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 299

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 299

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguguua 60

gacgguacug aucccuguga ccuggugucg guaccgucua acacuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 300

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 300

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguguua 60

gacgguacug augccuguga ccuggugucg guaccgucua acacuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 301

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 301

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguguua 60

gacgguacug aucccuguga uuuggugucg guaccgucua acacuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 302

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 302

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguguua 60

gaccguacug auaccuguga ccuggugucg guaccgucua acacuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 303

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 303

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaguguua 60

gacgguacug auaccuguga ccuggugucg guaccgucua acacuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgccccccuac cucaguga 158

<210> 304

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 304

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga guguuagacg guacugaucc 120

cgucugcacc ugucacuagu gucgguaccg ucuaacacuu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc uggggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 305

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 305

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccgaca 60

accaguauuu ggcccuguga ccugguccaa auacugguug ucgguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgccccccuac cucaguga 158

<210> 306

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 306

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccgaca 60

accaguauuu gggccuguga ccugguccaa auacugguug ucgguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 307

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 307

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccgaca 60

accaguauuu ggaccuguga uuugguccaa auacugguug ucgguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 308

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 308

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccgaca 60

accuguauuu ggaccuguga ccugguccaa auacugguug ucgguucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 309

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 309

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccgaca 60

accaguauuu ggaccuguga ccugguccaa auacugguug ucgguucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 310

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 310

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga ccgacaacca guauuuggac 120

cgucugcacc ugucacuagu ccaaauacug guugucgguu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 311

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 311

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagucaca 60

aagaaccgug uacccuguga ccugguugca cgguucuuug ugacuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 312

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 312

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagucaca 60

aagaaccgug uagccuguga ccugguugca cgguucuuug ugacuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 313

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 313

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagucaca 60

aagaaccgug uaaccuguga uuugguugca cgguucuuug ugacuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgccccccuac cucaguga 158

<210> 314

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 314

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagucaca 60

aaguaccgug uaaccuguga ccugguugca cgguucuuug ugacuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgccccccuac cucaguga 158

<210> 315

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 315

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagucaca 60

aagaaccgug uaaccuguga ccugguugca cgguucuuug ugacuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgccccccuac cucaguga 158

<210> 316

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 316

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga gucacaaaga accguguaac 120

cgucugcacc ugucacuagu ugcacgguuc uuugugacuu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 317

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 317

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaugaacc 60

ucuuguuaua aacccuguga ccugguuuua uaacaagagg uucauucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 318

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 318

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaugaacc 60

ucuuguuaua aagccuguga ccugguuuua uaacaagagg uucauucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 319

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 319

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaugaacc 60

ucuuguuaua aaaccuguga uuugguuuua uaacaagagg uucauucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgccccccuac cucaguga 158

<210> 320

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 320

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaugaacc 60

ucuaguuaua aaaccuguga ccugguuuua uaacaagagg uucauucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgccccccuac cucaguga 158

<210> 321

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 321

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaugaacc 60

ucuuguuaua aaaccuguga ccugguuuua uaacaagagg uucauucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgccccccuac cucaguga 158

<210> 322

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 322

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga ugaaccucuu guuauaaaac 120

cgucugcacc ugucacuagu uuuauaacaa gagguucauu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 323

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 323

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagaucau 60

uggaauuccu aauccuguga ccugguuuag gaauuccaau gaucuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 324

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 324

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagaucau 60

uggaauuccu aagccuguga ccugguuuag gaauuccaau gaucuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 325

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 325

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagaucau 60

uggaauuccu aaaccuguga uuugguuuag gaauuccaau gaucuucuga ggagcgccuu 120
gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 326
<211> 158
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 326

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagaucau 60
ugguauuccu aaaccuguga ccugguuuag gaauuccaau gaucuucugu ggagcgccuu 120
gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 327
<211> 158
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 327

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagaucau 60
uggaauuccu aaaccuguga ccugguuuag gaauuccaau gaucuucugu ggagcgccuu 120
gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 328
<211> 260
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 328

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60
gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga gaucauugga auuccuaaac 120

cgucugcacc ugucacuagu uuaggaauuc caaugaucuu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 329

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 329

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaacauugg 60

aauuccuaaa auuccuguga ccugguauuu uaggaauucc aauguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 330

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 330

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaacauugg 60

aauuccuaaa augccuguga ccugguauuu uaggaauucc aauguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 331

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 331

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaacauugg 60

aauuccuaaa auaccuguga uuugguauuu uaggaauucc aauguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 332

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 332

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaacauugg 60

aauaccuaaa auaccuguga ccugguauuu uaggaauucc aauguucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgccccccuac cucaguga 158

<210> 333

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 333

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaacauugg 60

aauuccuaaa auaccuguga ccugguauuu uaggaauucc aauguucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgccccccuac cucaguga 158

<210> 334

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 334

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga cauuggaauu ccuaaaauac 120

cgucugcacc ugucacuagu auuuuaggaa uuccaauguu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 335

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 335

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagcaauu 60

cagucucguu gucccuguga ccugguacaa cgagacugaa uugcuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 336

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 336

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagcaauu 60

cagucucguu gugccuguga ccugguacaa cgagacugaa uugcuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 337

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 337

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagcaauu 60

cagucucguu guaccuguga uuugguacaa cgagacugaa uugcuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 338

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 338

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagcaauu 60

cagacucguu guaccuguga ccugguacaa cgagacugaa uugcuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 339

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 339

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagcaauu 60

cagucucguu guaccuguga ccugguacaa cgagacugaa uugcuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 340

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 340

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga gcaauucagu cucguuguac 120

cgucugcacc ugucacuagu acaacgagac ugaauugcuu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 341

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 341

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccugcu 60

agcuccaugc uucccuguga ccugguaagc auggagcuag cagguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 342

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 342

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccugcu 60

agcuccaugc uugccuguga ccugguaagc auggagcuag cagguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 343

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 343

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccugcu 60

agcuccaugc uucccuguga uuugguaagc auggagcuag cagguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 344

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 344

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccugcu 60

agcaccaugc uuaccuguga ccugguaagc auggagcuag cagguucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 345

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 345

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccugcu 60

agcuccaugc uuaccuguga ccugguaagc auggagcuag cagguucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 346

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 346

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga ccugcuagcu ccaugcuucc 120

cgucugcacc ugucacuagu aagcauggag cuagcagguu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 347

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 347

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaaccugcu 60

agcuccaugc uugcugugac ccaaguaagc auggagcuag cagguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 348

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 348

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccac ggaaccugcu 60

agcuccaugc uugcugugac ccaaguaagc auggagcuag cagguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 349

<211> 163

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 349

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccac ggaaccugcu 60

agcuccaugc uugcuguggc cacugagaag uaagcaugga gcuagcaggu ucugaggagc 120

gccuugacag cagccauggg agggccgccc ccuaccucag uga 163

<210> 350

<211> 122

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 350

gggcccuccc gcagaacacc augcgcucca cggaaccugc uagcuccaug cuugcuguga 60

cccaaguaag cauggagcua gcagguucug aggagcgccu ugacagcagc caugggaggg 120

cc 122

<210> 351

<211> 117

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 351

cucccgcaga acaccaugcg cuccacggaa ccugcuagcu ccaugcuugc ugugacccaa 60

guaagcaugg agcuagcagg uucugaggag cgccuugaca gcagccaugg gagggcc 117

<210> 352

<211> 160

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 352

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccac ggaagccugc 60

uagcuccaug cuugcuguga cccaaguaag cauggagcua gcaggcuucu gaggagcgcc 120

uugacagcag ccaugggagg gccgcccccu accucaguga 160

<210> 353

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 353

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccac ggaaccugcu 60

agcuccaugc uugaugugac ccaauuaagc auggagcuag cagguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 354

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 354

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccuc ggaaccugcu 60

agcuccaugc uugcugugac ccaaguaagc auggagcuag cagguucugc ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 355

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 355

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaacauugg 60

aauuccuaaa auuccuguga ccugguauuu uaggaauucc aauguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 356

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 356

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagaucau 60

uggaauuccu aauccuguga ccugguuuag gaauuccaau gaucuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 357

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 357

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaacauugg 60

aauuccuaaa augccuguga ccugguauuu uaggaauucc aauguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 358

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 358

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagaucau 60

uggaauuccu aagccuguga ccugguuuag gaauuccaau gaucuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 359

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 359

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaacauugg 60

aauuccuaaa auaccuguga uuugguauuu uaggaauucc aauguucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 360

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 360

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagaucau 60

uggaauuccu aaaccuguga uuugguuuag gaauuccaau gaucuucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 361

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 361

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaacauugg 60

aauaccuaaa auaccuguga ccugguauuu uaggaauucc aauguucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 362

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 362

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagaucau 60

ugguauuccu aaaccuguga ccugguuuag gaauuccaau gaucuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 363

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 363

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaacauugg 60

aauuccuaaa auaccuguga ccugguauuu uaggaauucc aauguucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 364

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 364

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcucuuc ggaagaucau 60

uggaauuccu aaaccuguga ccugguuuag gaauuccaau gaucuucugu ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 365

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 365

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga cauuggaauu ccuaaaauac 120

cgucugcacc ugucacuagu auuuuaggaa uuccaauguu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

uggugggaau cuggguagcc 260

<210> 366

<211> 260

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 366

gaagcaaaga aggggcagag ggagcccgug agcugagugg gccagggacu gggagaagga 60

gugaggaggc agggccggca ugccucugcu gcuggccaga gaucauugga auuccuaaac 120

cgucugcacc ugucacuagu uuaggaauuc caaugaucuu uggccgugua gugcuaccca 180

gcgcuggcug ccuccucagc auugcaauuc cucucccauc ugggcaccag ucagcuaccc 240

ugguggggaau cuggguagcc 260

<210> 367

<211> 158

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 367

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccac ggaauaagca 60

uggagcuagc agggugugac ccaacccugc uagcuccaug cuuauucuga ggagcgccuu 120

gacagcagcc augggagggc cgcccccuac cucaguga 158

<210> 368

<211> 163

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 368

gugcugggcg gggggcggcg ggcccucccg cagaacacca ugcgcuccuc ggaauaagca 60

uggagcuagc agguuguggc cacugagaaa ccugcuagcu ccaugcuugu ucugcggagc 120

gccuugacag cagccauggg agggccgccc ccuaccucag uga 163

<210> 369

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 1

<400> 369

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc actttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 370

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 1

<400> 370

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

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

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

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

690 695 700

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

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 371

<211> 4718

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 1

<400> 371

ttgcccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcggtgggg cctgcggacc aaaggtccgc 60

agacggcaga gctctgctct gccggcccca ccgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg 120

ggcaactcca tcactagggg taatcgcgaa gcgcctccca cgctgccgcg tcagcgctga 180

cgtaaattac gtcatagggg agtggtcctg tattagctgt cacgtgagtg cttttgcgac 240

attttgcgac accacgtggc catttagggt atatatggcc gagtgagcga gcaggatctc 300

cattttgacc gcgaaatttg aacgagcagc agccatgccg ggcttctacg agatcgtgat 360

caaggtgccg agcgacctgg acgagcacct gccgggcatt tctgactcgt ttgtgagctg 420

ggtggccgag aaggaatggg agctgccccc ggattctgac atggatctga atctgattga 480

gcaggcaccc ctgaccgtgg ccgagaagct gcagcgcgac ttcctggtcc aatggcgccg 540

cgtgagtaag gccccggagg ccctcttctt tgttcagttc gagaagggcg agtcctactt 600

ccacctccat attctggtgg agaccacggg ggtcaaatcc atggtgctgg gccgcttcct 660

gagtcagatt agggacaagc tggtgcagac catctaccgc gggatcgagc cgaccctgcc 720

caactggttc gcggtgacca agacgcgtaa tggcgccgga ggggggaaca aggtggtgga 780

cgagtgctac atccccaact acctcctgcc caagactcag cccgagctgc agtgggcgtg 840

gactaacatg gaggagtata taagcgcctg tttgaacctg gccgagcgca aacggctcgt 900

ggcgcagcac ctgacccacg tcagccagac ccaggagcag aacaaggaga atctgaaccc 960

caattctgac gcgcctgtca tccggtcaaa aacctccgcg cgctacatgg agctggtcgg 1020

gtggctggtg gaccggggca tcacctccga gaagcagtgg atccaggagg accaggcctc 1080

gtacatctcc ttcaacgccg cttccaactc gcggtcccag atcaaggccg ctctggacaa 1140

tgccggcaag atcatggcgc tgaccaaatc cgcgcccgac tacctggtag gccccgctcc 1200

gcccgcggac attaaaacca accgcatcta ccgcatcctg gagctgaacg gctacgaacc 1260

tgcctacgcc ggctccgtct ttctcggctg ggcccagaaa aggttcggga agcgcaacac 1320

catctggctg tttgggccgg ccaccacggg caagaccaac atcgcggaag ccatcgccca 1380

cgccgtgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaatgattg 1440
cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggcaagatg acggccaagg tcgtggagtc 1500
cgccaaggcc attctcggcg gcagcaaggt gcgcgtggac caaaagtgca agtcgtccgc 1560
ccagatcgac cccacccccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 1620
cgggaacagc accaccttcg agcaccagca gccgttgcag gaccggatgt tcaaatttga 1680
actcacccgc cgtctggagc atgactttgg caaggtgaca aagcaggaag tcaaagagtt 1740
cttccgctgg gcgcaggatc acgtgaccga ggtggcgcat gagttctacg tcagaaaggg 1800

tggagccaac aaaagacccg cccccgatga cgcggataaa agcgagccca agcgggcctg 1860
cccctcagtc gcggatccat cgacgtcaga cgcggaagga gctccggtgg actttgccga 1920
caggtaccaa aacaaatgtt ctcgtcacgc gggcatgctt cagatgctgt ttccctgcaa 1980
gacatgcgag agaatgaatc agaatttcaa catttgcttc acgcacggga cgagagactg 2040
ttcagagtgc ttccccggcg tgtcagaatc tcaaccggtc gtcagaaaga ggacgtatcg 2100
gaaactctgt gccattcatc atctgctggg gcgggctccc gagattgctt gctcggcctg 2160
cgatctggtc aacgtggacc tggatgactg tgtttctgag caataaatga cttaaaccag 2220

gtatggctgc cgatggttat cttccagatt ggctcgagga caacctctct gagggcattc 2280
gcgagtggtg ggacttgaaa cctggagccc cgaagcccaa agccaaccag caaaagcagg 2340
acgacggccg gggtctggtg cttcctggct acaagtacct cggacccttc aacggactcg 2400
acaaggggga gcccgtcaac gcggcggacg cagcggccct cgagcacgac aaggcctacg 2460
accagcagct caaagcgggt gacaatccgt acctgcggta taaccacgcc gacgccgagt 2520
ttcaggagcg tctgcaagaa gatacgtctt ttgggggcaa cctcgggcga gcagtcttcc 2580
aggccaagaa gcgggttctc gaacctctcg gtctggttga ggaaggcgct aagacggctc 2640

ctggaaagaa acgtccggta gagcagtcgc cacaagagcc agactcctcc tcgggcatcg 2700
gcaagacagg ccagcagccc gctaaaaaga gactcaattt tggtcagact ggcgactcag 2760
agtcagtccc cgatccacaa cctctcggag aacctccagc aacccccgct gctgtgggac 2820
ctactacaat ggcttcaggc ggtggcgcac caatggcaga caataacgaa ggcgccgacg 2880
gagtgggtaa tgcctcagga aattggcatt gcgattccac atggctgggc gacagagtca 2940
tcaccaccag cacccgcacc tgggccttgc ccacctacaa taaccacctc tacaagcaaa 3000
tctccagtgc ttcaacgggg gccagcaacg acaaccacta cttcggctac agcacccccc 3060

ggggggtattt tgatttcaac agattccact gccacttttc accacgtgac tggcagcgac 3120

tcatcaacaa caattgggga ttccggccca agagactcaa cttcaaactc ttcaacatcc 3180

aagtcaagga ggtcacgacg aatgatggcg tcacaaccat cgctaataac cttaccagca 3240

cggttcaagt cttctcggac tcggagtacc agcttccgta cgtcctcggc tctgcgcacc 3300

agggctgcct ccctccgttc ccggcggacg tgttcatgat tccgcaatac ggctacctga 3360

cgctcaacaa tggcagccaa gccgtgggac gttcatcctt ttactgcctg gaatatttcc 3420

cttctcagat gctgagaacg ggcaacaact ttaccttcag ctacaccttt gaggaagtgc 3480

ctttccacag cagctacgcg cacagccaga gcctggaccg gctgatgaat cctctcatcg 3540

accaatacct gtattacctg aacagaactc aaaatcagtc cggaagtgcc caaaacaagg 3600

acttgctgtt tagccgtggg tctccagctg gcatgtctgt tcagcccaaa aactggctac 3660

ctggaccctg ttatcggcag cagcgcgttt ctaaaacaaa aacagacaac aacaacagca 3720

attttacctg gactggtgct tcaaaatata acctcaatgg gcgtgaatcc atcatcaacc 3780

ctggcactgc tatggcctca cacaaagacg acgaagacaa gttctttccc atgagcggtg 3840

tcatgatttt tggaaaagag agcgccggag cttcaaacac tgcattggac aatgtcatga 3900

ttacagacga agaggaaatt aaagccacta accctgtggc caccgaaaga tttgggaccg 3960

tggcagtcaa tttccagagc agcagcacag accctgcgac cggagatgtg catgctatgg 4020

gagcattacc tggcatggtg tggcaagata gagacgtgta cctgcagggt cccatttggg 4080

ccaaaattcc tcacacagat ggacactttc acccgtctcc tcttatgggc ggctttggac 4140

tcaagaaccc gcctcctcag atcctcatca aaaacacgcc tgttcctgcg aatcctccgg 4200

cggagttttc agctacaaag tttgcttcat tcatcaccca atactccaca ggacaagtga 4260

gtgtggaaat tgaatgggag ctgcagaaag aaaacagcaa gcgctggaat cccgaagtgc 4320

agtacacatc caattatgca aaatctgcca acgttgattt tactgtggac aacaatggac 4380

tttatactga gcctcgcccc attggcaccc gttaccttac ccgtcccctg taattacgtg 4440

ttaatcaata aaccggttga ttcgtttcag ttgaactttg gtctcctgtc cttcttatct 4500

tatcggttac catggttata gcttacacat taactgcttg gttgcgcttc gcgataaaag 4560

acttacgtca tcgggttacc cctagtgatg gagttgccca ctccctctct gcgcgctcgc 4620

tcgctcggtg gggcctgcgg accaaaggtc cgcagacggc agagctctgc tctgccggcc 4680

ccaccgagcg agcgagcgcg cagagaggga gtgggcaa 4718

<210> 372

<211> 3131

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 372

gcggccgcga attcgccctt ggctgcgtca actggaccaa tgagaacttt cccttcaatg 60

attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc aaggtcgtgg 120

agtccgccaa ggccattctc ggcggcagca aggtgcgcgt ggaccaaaag tgcaagtcgt 180

ccgcccagat cgaccccacc cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg tgcgccgtga 240

ttgacgggaa cagcaccacc ttcgagcacc agcagcctct ccaggaccgg atgtttaagt 300

tcgaactcac ccgccgtctg gagcacgact ttggcaaggt gacaaagcag gaagtcaaag 360

agttcttccg ctgggccagt gatcacgtga ccgaggtggc gcatgagttt tacgtcagaa 420

agggcggagc cagcaaaaga cccgcccccg atgacgcgga taaaagcgag cccaagcggg 480

cctgcccctc agtcgcggat ccatcgacgt cagacgcgga aggagctccg gtggactttg 540

ccgacaggta ccaaaacaaa tgttctcgtc acgcgggcat gcttcagatg ctgtttccct 600

gcaaaacgtg cgagagaatg aatcggaatt tcaacatttg cttcacacac ggggtcagag 660

actgctcaga gtgtttcccc ggcgtgtcag aatctcaacc ggtcgtcaga aagaggacgt 720

atcggaaact ccgtgcgatt catcatctgc tggggcgggc tcccgagatt gcttgctcgg 780

cctgcgatct ggtcaacgtg gacctggatg actgtgtttc tgagcaataa atgacttaaa 840

ccaggtatgg ctgccgatgg ttatcttcca gattggctcg aggacaacct ctctgagggc 900

attcgcgagt ggtgggcgct gaaacctgga gccccgaagc ccaaagccaa ccagcaaaag 960

caggacgacg gccggggtct ggtgcttcct ggctacaagt acctcggacc cttcaacgga 1020

ctcgacaagg gggagcccgt caacgcggcg gacgcagcgg ccctcgagca cgacaaggct 1080

tacgaccagc agctgcaggc gggtgacaat ccgtacctgc ggtataacca cgccgacgcc 1140

gagtttcagg agcgtctgca agaagatacg tcttttgggg gcaacctcgg gcgagcagtc 1200

ttccaggcca agaagcgggt tctcgaacct ctcggtctgg ttgaggaagg cgctaagacg 1260

gctcctggaa agaagagacc ggtagagcca tcaccccagc gttctccaga ctcctctacg 1320

ggcatcggca agaaaggcca acagcccgcc agaaaaagac tcaattttgg tcagactggc 1380

gactcagagt cagttccaga ccctcaacct ctcggagaac ctccagcagc gccctctggt 1440

gtgggaccta atacaatggc tgcaggcggt ggcgcaccaa tggcagacaa taacgaaggc 1500

gccgacggag tgggtagttc ctcgggaaat tggcattgcg attccacatg gctgggcgac 1560

agagtcatca ccaccagcac ccgaacctgg gccctgccca cctacaacaa ccacctctac 1620

aagcaaatct ccaacgggac atcgggagga gccaccaacg acaacaccta cttcggctac 1680

agcacccccct gggggtattt tgactttaac agattccact gccacctttc accacgtgac 1740

tggcagcgac tcatcaacaa caactgggga ttccgaccca agagactcag cttcaagctc 1800

ttcaacatcc aggtcaagga ggtcacgcag aatgaaggca ccaagaccat cgccaataac 1860

ctcaccagca ccatccaggt gtttacggac tcggagtacc agctgccgta cgttctcggc 1920

tctgtccacc agggctgcct gcctccgttc ccggcggacg tgttcatgat tccccagtac 1980

ggctacctaa cactcaacaa cggtagtcag gccgtgggac gctcctcctt ctactgcctg 2040

gaatactttc cttcgcagat gctgagaacc ggcaacaact tccagtttac ttcaccttc 2100

gaggacgtgc ctttccacag cagctacgcc cacagctaga gcttggaccg gctgatgaat 2160

cctctgattg accagtacct gtactacttg tctcggactc aaacaacagg aggcacggca 2220

aatacgcaga ctctgggctt cagccaaggt gggcctaata caatggccaa tcaggcaaag 2280

aactggctgc caggaccctg ttaccgccaa caacgcgtct caacgacaac cgggcaaaac 2340

aacaatagca actttgcctg gactgctggg accaaatacc atctgaatgg aagaaattca 2400

ttggctaatc ctggcatcgc tatggcaaca cacaaagacg acgaggagcg ttttttttccc 2460

agtaacggga tcctgatttt tggcaaacaa aatgctgcca gagacaatgc ggattacagc 2520

gatgtcatgc tcaccagcga ggaagaaatc aaaaccacta accctgtggc tacagaggaa 2580

tacggtatcg tggcagataa cttgcagcag caaaacacgg ctcctcaaat tggaactgtc 2640

aacagccagg gggccttacc cggtatggtc tggcagaacc gggacgtgta cctgcagggt 2700

cccatctggg ccaagattcc tcacacggac ggcaacttcc acccgtctcc gctgatgggc 2760

ggctttggcc tgaaacatcc tccgcctcag atcctgatca agaacacgcc tgtacctgcg 2820

gatcctccga ccaccttcaa ccagtcaaag ctgaactctt tcatcacgca atacagcacc 2880

ggacaggtca gcgtggaaat tgaatgggag ctgcagaagg aaaacagcaa gcgctggaac 2940

cccgagatcc agtacacctc caactactac aaatctataa gtgtggactt tgctgttaat 3000

acagaaggcg tgtactctga accccgcccc attggcaccc gttacctcac ccgtaatctg 3060

taattgcctg ttaatcaata aaccggttga ttcgtttcag ttgaactttg gtctctgcga 3120

agggcgaatt c 3131

<210> 373

<211> 255

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 10

<400> 373

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag agtcatcacc 60

accagcaccc gaacctgggt cctgcccacc tacaacaacc acatctacaa gcaaatctcc 120

agcgagacag gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 180

tttgacttta acagattcca ctgccacttt tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 240

aacaactggg gattc 255

<210> 374

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 10

<400> 374

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Glu Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

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

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Ala Asn Thr Gly

580 585 590

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

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 375
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 10
<400> 375
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

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

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

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

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 376

<211> 258

<212

> DNA

<213> Adeno-associated virus 11

<400> 376

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag agtcatcacc 60

accagcaccc gaacctgggc cctgccaacc tacaacaacc acctctacaa acaaatctcc 120

agcgcttcaa cgggggccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 180

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc 240

aacaacaact ggggattc 258

<210> 377

<211> 255

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 12

<400

> 377

ggtaattcct ccggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgaccg agtcattacc 60

accagcaccc ggacttgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa gcaaatctcc 120

agccaatcgg gtgccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ttgggggtat 180

tttgatttca acagattcca ctgccatttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 240

aacaactggg gattc 255

<210> 378

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 378

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 379

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 379

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

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

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

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

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

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

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

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

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

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 380
<211> 621
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 380

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

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

65 70 75 80

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

130 135 140
Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160
Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Glu Gln Tyr Leu
165 170 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Thr Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190
Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn

195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Lys Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255
Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys

260 265 270
Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Gln
275 280 285
Pro Val Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu Glu Leu
290 295 300
Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320
Thr Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Thr Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val

405 410 415

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

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe

435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Asp His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460

Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Lys Asp His Val Val Glu Val

465 470 475 480

Glu His Glu Phe Tyr Val Lys Lys Gly Gly Ala Lys Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Pro Ser Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Val Arg Glu Ser Val

500 505 510

Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Ser Ile Asn Tyr Ala Asp

515 520 525

Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu

530 535 540

Phe Pro Cys Arg Gln Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Ser Asn Ile Cys

545 550 555 560

Phe Thr His Gly Gln Lys Asp Cys Leu Glu Cys Phe Pro Val Ser Glu

565 570 575

Ser Gln Pro Val Ser Val Val Lys Lys Ala Tyr Gln Lys Leu Cys Tyr

580 585 590

Ile His His Ile Met Gly Lys Val Pro Asp Ala Cys Thr Ala Cys Asp

595 600 605

Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Ile Phe Glu Gln

610 615 620

<210> 381

<211> 4675

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 381

ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc 60

cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg 120

gccaactcca tcactagggg ttcctggagg ggtggagtcg tgacgtgaat tacgtcatag 180

ggttagggag gtcctgtatt agaggtcacg tgagtgtttt gcgacatttt gcgacaccat 240

gtggtcacgc tgggtattta agcccgagtg agcacgcagg gtctccattt tgaagcggga 300

ggtttgaacg cgcagccgcc atgccggggt tttacgagat tgtgattaag gtccccagcg 360

accttgacgg gcatctgccc ggcatttctg acagctttgt gaactgggtg gccgagaagg 420

aatgggagtt gccgccagat tctgacatgg atctgaatct gattgagcag gcacccctga 480

ccgtggccga gaagctgcag cgcgactttc tgacggaatg gcgccgtgtg agtaaggccc 540

cggaggccct tttctttgtg caatttgaga agggagagag ctacttccac atgcacgtgc 600

tcgtggaaac caccggggtg aaatccatgg ttttgggacg tttcctgagt cagattcgcg 660

aaaaactgat tcagagaatt taccgcggga tcgagccgac tttgccaaac tggttcgcgg 720

tcacaaagac cagaaatggc gccggaggcg ggaacaaggt ggtggatgag tgctacatcc 780

ccaattactt gctccccaaa acccagcctg agctccagtg ggcgtggact aatatggaac 840

agtatttaag cgcctgtttg aatctcacgg agcgtaaacg gttggtggcg cagcatctga 900

cgcacgtgtc gcagacgcag gagcagaaca aagagaatca gaatcccaat tctgatgcgc 960

cggtgatcag atcaaaaact tcagccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctcgtggaca 1020

aggggattac ctcggagaag cagtggatcc aggaggacca ggcctcatac atctccttca 1080

atgcggcctc caactcgcgg tcccaaatca aggctgcctt ggacaatgcg ggaaagatta 1140

tgagcctgac taaaaccgcc cccgactacc tggtgggcca gcagcccgtg gaggacattt 1200

ccagcaatcg gatttataaa attttggaac taaacgggta cgatccccaa tatgcggctt 1260

ccgtctttct gggatgggcc acgaaaaagt tcggcaagag gaacaccatc tggctgtttg 1320

ggcctgcaac taccgggaag accaacatcg cggaggccat agcccacact gtgcccttct 1380

acgggtgcgt aaactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgactgtgtc gacaagatgg 1440

tgatctggtg ggaggagggg aagatgaccg ccaaggtcgt ggagtcggcc aaagccattc 1500

tcggaggaag caaggtgcgc gtggaccaga aatgcaagtc ctcggcccag atagacccga 1560

ctcccgtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg aactcaacga 1620

ccttcgaaca ccagcagccg ttgcaagacc ggatgttcaa atttgaactc acccgccgtc 1680

tggatcatga ctttgggaag gtcaccaagc aggaagtcaa agacttttc cggtgggcaa 1740

aggatcacgt ggttgaggtg gagcatgaat tctacgtcaa aaagggtgga gccaagaaaa 1800

gacccgcccc cagtgacgca gatataagtg agcccaaacg ggtgcgcgag tcagttgcgc 1860

agccatcgac gtcagacgcg gaagcttcga tcaactacgc agacaggtac caaaacaaat 1920

gttctcgtca cgtgggcatg aatctgatgc tgtttccctg cagacaatgc gagagaatga 1980

atcagaattc aaatatctgc ttcactcacg gacagaaaga ctgtttagag tgctttcccg 2040

tgtcagaatc tcaacccgtt tctgtcgtca aaaaggcgta tcagaaactg tgctacattc 2100

atcatatcat gggaaaggtg ccagacgctt gcactgcctg cgatctggtc aatgtggatt 2160

tggatgactg catctttgaa caataaatga tttaaatcag gtatggctgc cgatggttat 2220

cttccagatt ggctcgagga cactctctct gaaggaataa gacagtggtg gaagctcaaa 2280

cctggcccac caccaccaaa gcccgcagag cggcataagg acgacagcag gggtcttgtg 2340

cttcctgggt acaagtacct cggacccttc aacggactcg acaagggaga gccggtcaac 2400

gaggcagacg ccgcggccct cgagcacgta caaagcctac gaccggcagc tcgacagcgg 2460

agacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgcggag tttcaggagc gccttaaaga 2520

agatacgtct tttgggggca acctcggacg agcagtcttc caggcgaaaa agagggttct 2580

tgaacctctg ggcctggttg aggaacctgt taagacggct ccgggaaaaa agaggccggt 2640

agagcactct cctgtggagc cagactcctc ctcgggaacc ggaaaggcgg gccagcagcc 2700

tgcaagaaaa agattgaatt ttggtcagac tggagacgca gactcagtac ctgaccccca 2760

gcctctcgga cagccaccag cagccccctc tggtctggga actaatacga tggctacagg 2820

cagtggcgca ccaatggcag acaataacga gggcgccgac ggagtgggta attcctccgg 2880

aaattggcat tgcgattcca catggatggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac 2940

ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaaacaa atttccagcc aatcaggagc 3000

ctcgaacgac aatcactact ttggctacag cacccttgg gggtattttg acttcaacag 3060

attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc atcaacaaca actggggatt 3120
ccgacccaag agactcaact tcaagctctt taacattcaa gtcaaagagg tcacgcagaa 3180
tgacggtacg acgacgattg ccaataacct taccagcacg gttcaggtgt ttactgactc 3240
ggagtaccag ctcccgtacg tcctcggctc ggcgcatcaa ggatgcctcc cgccgttccc 3300
agcagacgtc ttcatggtgc cacagtatgg atacctcacc ctgaacaacg ggagtcaggc 3360
agtaggacgc tcttcatttt actgcctgga gtactttcct tctcagatgc tgcgtaccgg 3420
aaacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct ttccacagca gctacgctca 3480

cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac cagtacctgt attacttgag 3540
cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg cttcagtttt ctcaggccgg 3600
agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct ggaccctgtt accgccagca 3660
gcgagtatca aagacatctg cggataacaa caacagtgaa tactcgtgga ctggagctac 3720
caagtaccac ctcaatggca gagactctct ggtgaatccg gccatggcaa gccacaagga 3780
cgatgaagaa aagtttttc ctcagagcgg ggttctcatc tttgggaagc aaggctcaga 3840
gaaaacaaat gtgaacattg aaaaggtcat gattacagac gaagaggaaa tcggaacaac 3900

caatcccgtg gctacggagc agtatggttc tgtatctacc aacctccaga gaggcaacag 3960
acaagcagct accgcagatg tcaacacaca aggcgttctt ccaggcatgg tctggcagga 4020
cagagatgtg taccttcagg ggcccatctg ggcaaagatt ccacacacgg acggacattt 4080
tcacccctct cccctcatgg gtggattcgg acttaaacac cctcctccac agattctcat 4140
caagaacacc ccggtacctg cgaatccttc gaccaccttc agtgcggcaa agtttgcttc 4200
cttcatcaca cagtactcca cgggacacgg tcagcgtgga gatcgagtgg gagctgcaga 4260
aggaaaacag caaacgctgg aatcccgaaa ttcagtacac ttccaactac aacaagtctg 4320

ttaatcgtgg acttaccgtg gatactaatg gcgtgtattc agagcctcgc cccattggca 4380
ccagatacct gactcgtaat ctgtaattgc ttgttaatca ataaaccgtt taattcgttt 4440
cagttgaact ttggtctctg cgtatttctt tcttatctag tttccatggc tacgtagata 4500
agtagcatgg cgggttaatc attaactaca aggaacccct agtgatggag ttggccactc 4560
cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc cgacgcccgg 4620
gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg gccaa 4675

<210> 382

<211> 4679

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 382

ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc 60

cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg 120

gccaactcca tcactagggg ttcctggagg ggtggagtcg tgacgtgaat tacgtcatag 180

ggttagggag gtcctgtatt agaggtcacg tgagtgtttt gcgacatttt gcgacaccat 240

gtggtcacgc tgggtattta agcccgagtg agcacgcagg gtctccattt tgaagcggga 300

ggtttgaacg cgcagccgcc atgccggggt tttacgagat tgtgattaag gtccccagcg 360

accttgacgg gcatctgccc ggcatttctg acagctttgt gaactgggtg gccgagaagg 420

aatgggagtt gccgccagat tctgacatgg atctgaatct gattgagcag gcacccctga 480

ccgtggccga gaagctgcag cgcgactttc tgacggaatg gcgccgtgtg agtaaggccc 540

cggaggccct tttctttgtg caatttgaga agggagagag ctacttccac atgcacgtgc 600

tcgtggaaac caccggggtg aaatccatgg ttttgggacg tttcctgagt cagattcgcg 660

aaaaactgat tcagagaatt taccgcggga tcgagccgac tttgccaaac tggttcgcgg 720

tcacaaagac cagaaatggc gccggaggcg ggaacaaggt ggtggatgag tgctacatcc 780

ccaattactt gctccccaaa acccagcctg agctccagtg ggcgtggact aatatggaac 840

agtatttaag cgcctgtttg aatctcacgg agcgtaaacg gttggtggcg cagcatctga 900

cgcacgtgtc gcagacgcag gagcagaaca aagagaatca gaatcccaat tctgatgcgc 960

cggtgatcag atcaaaaact tcagccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctcgtggaca 1020

aggggattac ctcggagaag cagtggatcc aggaggacca ggcctcatac atctccttca 1080

atgcggcctc caactcgcgg tcccaaatca aggctgcctt ggacaatgcg ggaaagatta 1140

tgagcctgac taaaaccgcc cccgactacc tggtgggcca gcagcccgtg gaggacattt 1200

ccagcaatcg gatttataaa attttggaac taaacgggta cgatccccaa tatgcggctt 1260

ccgtctttct gggatgggcc acgaaaaagt tcggcaagag gaacaccatc tggctgtttg 1320

ggcctgcaac taccgggaag accaacatcg cggaggccat agcccacact gtgcccttct 1380

acgggtgcgt aaactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgactgtgtc gacaagatgg 1440

tgatctggtg ggaggagggg aagatgaccg ccaaggtcgt ggagtcggcc aaagccattc 1500

tcggaggaag caaggtgcgc gtggaccaga aatgcaagtc ctcggcccag atagacccga 1560

ctcccgtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg aactcaacga 1620

ccttcgaaca ccagcagccg ttgcaagacc ggatgttcaa atttgaactc acccgccgtc 1680

tggatcatga ctttgggaag gtcaccaagc aggaagtcaa agacttttc cggtgggcaa 1740
aggatcacgt ggttgaggtg gagcatgaat tctacgtcaa aaagggtgga gccaagaaaa 1800
gacccgcccc cagtgacgca gatataagtg agcccaaacg ggtgcgcgag tcagttgcgc 1860
agccatcgac gtcagacgcg gaagcttcga tcaactacgc agacaggtac caaaacaaat 1920
gttctcgtca cgtgggcatg aatctgatgc tgtttccctg cagacaatgc gagagaatga 1980
atcagaattc aaatatctgc ttcactcacg gacagaaaga ctgtttagag tgctttcccg 2040
tgtcagaatc tcaacccgtt tctgtcgtca aaaaggcgta tcagaaactg tgctacattc 2100

atcatatcat gggaaaggtg ccagacgctt gcactgcctg cgatctggtc aatgtggatt 2160
tggatgactg catctttgaa caataaatga tttaaatcag gtatggctgc cgatggttat 2220
cttccagatt ggctcgagga cactctctct gaaggaataa gacagtggtg gaagctcaaa 2280
cctggcccac caccaccaaa gcccgcagag cggcataagg acgacagcag gggtcttgtg 2340
cttcctgggt acaagtacct cggacccttc aacggactcg acaagggaga gccggtcaac 2400
gaggcagacg ccgcggccct cgagcacgac aaagcctacg accggcagct cgacagcgga 2460
gacaacccgt acctcaagta caaccacgcc gacgcggagt ttcaggagcg ccttaaagaa 2520

gatacgtctt ttgggggcaa cctcggacga gcagtcttcc aggcgaaaaa gagggttctt 2580
gaacctctgg gcctggttga ggaacctgtt aagacggctc cgggaaaaaa gaggccggta 2640
gagcactctc ctgtggagcc agactcctcc tcgggaaccg gaaaggcggg ccagcagcct 2700
gcaagaaaaa gattgaattt tggtcagact ggagacgcag actcagtacc tgacccccag 2760
cctctcggac agccaccagc agccccctct ggtctgggaa ctaatacgat ggctacaggc 2820
agtggcgcac caatggcaga caataacgag ggcgccgacg gagtgggtaa ttcctccgga 2880
aattggcatt gcgattccac atggatgggc gacagagtca tcaccaccag cacccgaacc 2940

tgggccctgc ccacctacaa caaccacctc tacaaacaaa tttccagcca atcaggagcc 3000
tcgaacgaca atcactactt tggctacagc acccctggg ggtattttga cttcaacaga 3060
ttccactgcc acttttcacc acgtgactgg caaagactca tcaacaacaa ctggggattc 3120
cgacccaaga gactcaactt caagctcttt aacattcaag tcaaagaggt cacgcagaat 3180
gacggtacga cgacgattgc caataacctt accagcacgg ttcaggtgtt tactgactcg 3240
gagtaccagc tcccgtacgt cctcggctcg gcgcatcaag gatgcctccc gccgttccca 3300
gcagacgtct tcatggtgcc acagtatgga tacctcaccc tgaacaacgg gagtcaggca 3360

gtaggacgct cttcatttta ctgcctggag tactttcctt ctcagatgct gcgtaccgga 3420

aacaacttta ccttcagcta cacttttgag gacgttcctt tccacagcag ctacgctcac 3480

agccagagtc tggaccgtct catgaatcct ctcatcgacc agtacctgta ttacttgagc 3540

agaacaaaca ctccaagtgg aaccaccacg cagtcaaggc ttcagttttc tcaggccgga 3600

gcgagtgaca ttcgggacca gtctaggaac tggcttcctg gaccctgtta ccgccagcag 3660

cgagtatcaa agacatctgc ggataacaac aacagtgaat actcgtggac tggagctacc 3720

aagtaccacc tcaatggcag agactctctg gtgaatccgg gcccggccat ggcaagccac 3780

aaggacgatg aagaaaagtt ttttcctcag agcggggttc tcatctttgg gaagcaaggc 3840

tcagagaaaa caaatgtgga cattgaaaag gtcatgatta cagacgaaga ggaaatcagg 3900

acaaccaatc ccgtggctac ggagcagtat ggttctgtat ctaccaacct ccagagaggc 3960

aacagacaag cagctaccgc agatgtcaac acacaaggcg ttcttccagg catggtctgg 4020

caggacagag atgtgtacct tcaggggccc atctgggcaa agattccaca cacggacgga 4080

cattttcacc cctctcccct catgggtgga ttcggactta aacaccctcc tccacagatt 4140

ctcatcaaga acaccccggt acctgcgaat ccttcgacca ccttcagtgc ggcaaagttt 4200

gcttccttca tcacacagta ctccacggga caggtcagcg tggagatcga gtgggagctg 4260

cagaaggaaa acagcaaacg ctggaatccc gaaattcagt acacttccaa ctacaacaag 4320

tctgttaatg tggactttac tgtggacact aatggcgtgt attcagagcc tcgccccatt 4380

ggcaccagat acctgactcg taatctgtaa ttgcttgtta atcaataaac cgtttaattc 4440

gtttcagttg aactttggtc tctgcgtatt tctttcttat ctagtttcca tggctacgta 4500

gataagtagc atggcgggtt aatcattaac tacaaggaac ccctagtgat ggagttggcc 4560

actccctctc tgcgcgctcg ctcgctcact gaggccgggc gaccaaaggt cgcccgacgc 4620

ccgggctttg cccgggcggc ctcagtgagc gagcgagcgc gcagagaggg agtggccaa 4679

<210> 383

<211> 725

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 5

<400> 383

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

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

35 40 45

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

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

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

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

Gln Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg
290 295 300

Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser
305 310 315 320
Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr
325 330 335
Asp Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly
340 345 350
Cys Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly
355 360 365

Tyr Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser
370 375 380
Ser Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser
405 410 415
Ser Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val
420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val
435 440 445
Gln Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn
450 455 460
Trp Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser
465 470 475 480
Gly Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met
485 490 495

Glu Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met
500 505 510
Thr Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met
515 520 525
Ile Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu

530 535 540

Glu Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn
545 550 555 560

Arg Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser
565 570 575

Ser Thr Thr Ala Pro Thr Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val
580 585 590

Pro Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile
595 600 605

Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala
610 615 620

Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys
625 630 635 640

Asn Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val
645 650 655

Ser Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met
660 665 670

Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile
675 680 685

Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro
690 695 700

Asp Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr
705 710 715 720

Leu Thr Arg Pro Leu
725

<210> 384

<211> 644

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<220><221> MOD_RES

<222> (434)..(434)

<223> Any amino acid

<400> 384

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

1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr

20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg

35 40 45

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

50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly

65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

130 135 140

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

145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

165 170 175

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

180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

195 200 205

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

225 230 235 240

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
245 250 255
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

260 265 270
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
275 280 285
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
290 295 300
Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
305 310 315 320
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

325 330 335
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
340 345 350
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg
355 360 365
Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe
370 375 380
Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu

385 390 395 400
Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln
405 410 415
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
420 425 430
Asn Xaa Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His
435 440 445
Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe

450 455 460
Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met
465 470 475 480
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

485 490 495

Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln

500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

515 520 525

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

530 535 540

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

545 550 555 560

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

580 585 590

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

595 600 605

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

610 615 620

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

625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 385

<211> 1933

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 385

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagt gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180

taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240

caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gttgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggtgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttctccc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacgccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 386

<211> 644

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 386

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Cys Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Val Ala Gly Gly Gly
115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

225 230 235 240

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

245 250 255

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

260 265 270

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

290 295 300

Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

305 310 315 320

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

325 330 335

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg

355 360 365

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe

370 375 380

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu

385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln

405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

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

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495
Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620
Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 387
<211> 1933
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 387
caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60
cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120
agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180
taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240
caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gccagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca cggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggcgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctgggccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gaatgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 388

<211> 644

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 388

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Pro Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Arg Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

225 230 235 240

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

245 250 255

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

260 265 270

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

290 295 300

Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

305 310 315 320

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

325 330 335

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly

340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg

355 360 365

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe

370 375 380

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu

385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln

405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

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

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495
Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620
Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 389
<211> 1933
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 389
caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60
cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120
agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180
taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240
caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gccagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca cggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggcgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctgggccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gaatgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 390

<211> 644

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 390

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Pro Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Arg Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

225 230 235 240

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

245 250 255

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

260 265 270

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

290 295 300

Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

305 310 315 320

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

325 330 335

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly

340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg

355 360 365

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe

370 375 380

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu

385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln

405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

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

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495
Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620
Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 391
<211> 1933
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 391
caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60
cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120
agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180
taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240
caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aatagcgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggtgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagc ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 392

<211> 644

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 392

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

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80
Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110
Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Ser Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

225 230 235 240

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

245 250 255

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

260 265 270

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

290 295 300

Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

305 310 315 320

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

325 330 335

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg

355 360 365

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe

370 375 380

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu

385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln

405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

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

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495
Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620
Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 393
<211> 1933
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 393
caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60
cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120
agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180
taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240
caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggcgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggacc cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt cacctttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat ggaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaaga ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 394

<211> 644

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 394

Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg
1 5 10 15

Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg
35 40 45

Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro
50 55 60

Gly Lys Lys Arg Pro Val Asp Ser Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ile Gly
65 70 75 80

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
85 90 95

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
100 105 110

Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
115 120 125

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
130 135 140

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
145 150 155 160

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
165 170 175

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn Val
180 185 190

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
195 200 205

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
210 215 220

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

225 230 235 240

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

245 250 255

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Pro Glu Tyr Gln Leu Pro

260 265 270

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

275 280 285

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

290 295 300

Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

305 310 315 320

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

325 330 335

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

340 345 350

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg

355 360 365

Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln Phe

370 375 380

Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp Leu

385 390 395 400

Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp Gln

405 410 415

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

420 425 430

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His

435 440 445

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

450 455 460

Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met

465 470 475 480

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
485 490 495
Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Ser Thr Ala Ala Gln
500 505 510

Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
515 520 525
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
530 535 540
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
545 550 555 560
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
565 570 575

Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Ile Ala Ser Phe Ile Thr
580 585 590
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
595 600 605
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
610 615 620
Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val
625 630 635 640

Tyr Ser Glu Pro

<210> 395
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 395
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

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

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

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

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Arg Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Gly Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 396

<211> 3121

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 396

gaattcgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaacgactg 60

tgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga ggggaagatg accgccaagg tcgtggagtc 120
ggccaaagcc attctcggag gaagcaaggt gcgcgtggac cagaaatgca agtcctcggc 180
ccagatagac ccgactcccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 240
cgggaactca acgaccttcg aacaccagca gccgttgcaa gaccggatgt tcaaatttga 300
actcacccgc cgtctggatc atgactttgg gaaggtcacc aagcaggaag tcaaagactt 360
tttccggtgg gcaaaggatc acgtggttga ggtggagcac gaattctacg tcaaaaaggg 420
tggagccaag aaaagacccg cccccagtga cgcagatata agtgagccca aacgggtgcg 480

cgagtcagtt gcgcagccat cgacgtcaga cgcggaagct tcgatcaact acgcagacag 540
gtaccaaaac aaatgttctc gtcacgcggg catgaatctg atgctgtttc cctgcagaca 600
atgcgagaga atgaatcaga attcaaatat ctgcttcact cacggacaga aagactgttt 660
agagtgcttt cccgtgtcag aatctcaacc cgtttctgtc gtcaaaaagg cgtatcagaa 720
actgtgctac attcatcata tcatgggaaa ggtgccagac gcttgcactg cctgcgatct 780
ggtcgatgtg gatttggatg actgcatctt tgaacaataa atgatttaaa tcaggtatgg 840
ctgccgatgg ttatcttcca gattggctcg aggacaacct ctctgagggc attcgcgagt 900

ggtgggcgct gaaacctgga gccccgaagc ccaaagccaa ccagcaaaag caggacggcg 960
gccggggtct ggtgcttcct ggctacaagt acctcggacc cttcaacgga ctcgacaagg 1020
gggagcccgt caacgcggcg gacgcagcgg ccctcgagca cgacaaggcc tacgaccagc 1080
agctcaaagc gggtgacaat ccgtacctgc ggtataacca cgccgacgcc gagtttcagg 1140
agcgtctgca agaagatacg tcttttgggg gcaacctcgg gcgagcagtc ttccaggcca 1200
agaagcgggt tctcgaacct ctcggtctgg ttgaggaagg cgctaagacg gctcctggaa 1260
agaagagacc ggtagagcca tcaccccagc gttctccaga ctcctctacg ggcatcggca 1320

agaaaggcca gcagcccgcg aaaaagagac tcaactttgg gcagactggc gactcagagt 1380
cagtgcccga ccctcaacca atcggagaac cccccgcagg cccctctggt ctgggatctg 1440
gtacaatggc tgcaggcggt ggcgctccaa tggcagacaa taacgaaggc gccgacggag 1500
tgggtagttc ctcaggaaat tggcattgcg attccacatg gctgggcgac tgagtcatca 1560
ccaccagcac ccgaacctgg gccctcccca cctacaacaa ccacctctac aagcaaatct 1620
ccaacgggac ttcgggagga agcaccaacg acaacaccta cttcggctac agcacccccc 1680
gggggtattt tgactttaac agattccact gccacttctc accacgtgac tggcagcgac 1740

tcatcaacaa caactgggga ttccggccca agagactcaa cttcaagctc ttcaacatcc 1800

aggtcaagga ggtcacgcag aatgaaggca ccaagaccat cgccaataac cttaccagca 1860

cgattcaggt ctttacggac tcggaatacc agctcccgta cgtcctcggc tctgcgcacc 1920

agggctgcct gcctccgttc ccggcggacg tcttcatgat tcctcagtac gggtacctga 1980

ctctgaacaa tggcagtcag gccgtgggcc gttcctcctt ctactgcctg gagtactttc 2040

cttctcaaat gctgagaacg ggcaacaact ttgagttcag ctaccagttt gaggacgtgc 2100

cttttcacag cagctacgcg cacagccaaa gcctggaccg gctgatgaac cccctcatcg 2160

accagtacct gtactacctg tctcggactc agtccacggg aggtaccgca ggaactcagc 2220

agttgctatt ttctcaggcc gggcctaata acatgtcggc tcaggccaaa aactggctac 2280

ccgggccctg ctaccggcag taacgcgtct ccacgacact gtcgcaaaat aacaacagca 2340

actttgtctg gaccggtgcc accaagtatc atctgaatgg cagagactct ctggtagatc 2400

ccggtgtcgc tatggcaacc cacaaggacg acgaagagcg atttttccg tccagcggag 2460

tcataatgtt tgggaaacag ggagctggaa aagacaacgt ggactatagc agcgtcatgc 2520

taaccagtga ggaagaaatt aaaaccacca acccagtggc cacagaacag tacggcgtgg 2580

tggccgataa cctgcaacag caaaacgccg ctcctattgt aggggccgtc aacagtcaag 2640

gagccttacc tggcatggtc tggcagaacc gggacgtgta cctgcagggt cctacctggg 2700

ccaagattcc tcacacggac ggaaactttc atccctcgcc gctgatggga ggctttggac 2760

tgaaacaccc gcctcctcag atcctgatta agaatacacc tgttcccgcg gatcctccaa 2820

ctaccttcag tcaagctaag ctggcgtcgt tcatcacgca gtacagcacc ggacaggtca 2880

gcgtggaaat tgaatgggag ctgcaggaag aaaacagcaa acgctggaac ccagagattc 2940

aatacacttc caactactac aaatctacaa atgtggactt tgctgttaac acagatggca 3000

cttattctga gcctcgcccc atcggcaccc gttacctcac ccgtaatctg taattgcttg 3060

ttaatcaata aaccggttga ttcgtttcag ttgaactttg gtctctgcga agggcgaatt 3120

c 3121

<210> 397

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 397

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

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

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Gly Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

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

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

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asp Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

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

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

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

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 398

<211> 3121

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 398

gaattcgccc ttcgcgagac caaagttcaa ctgaaacgaa tcaaccggtt tattgattaa 60

caagcaatta cagattacgg gtgaggtaac gggtgccgat ggggcgaggc tcagaataag 120

tgccatctgt gttaacagca aagtccacat ttgtagattt gtagtagttg gaagtgtatt 180

gaatctctgg gttccagcgt ttgctgtttt ctttctgcag ctcccattca atttccacgc 240

tgacctgtcc ggtgctgtac tgcgtgatga acgacgccag cttagcttga ctgaaggtag 300

ttggaggatc cgcgggaaca ggtgtattct taatcaggat ctgaggaggc gggtgtttca 360

gtccaaagcc tcccatcagc ggcgagggat gaaagtttcc gtccgtgtga ggaatcttgg 420

cccagatagg accctgcagg tacacgtccc ggttctgcca gaccatgcca ggtaaggctc 480

cttgactgtt gacggcccct acaataggag cggcgttttg ctgttgcagg ttatcggcca 540

ccacgccgta ctgttctgtg gccactgggt tggtggtttt aatttcttcc tcactggtta 600

gcataacgct gctatagtcc acgttgtctt ttccagctcc ctgtttccca aacattaaga 660

ctccgctgga cggaaaaaat cgctcttcgt cgtccttgtg ggttgccata gcgacaccgg 720

gatttaccag agagtctctg ccattcagat gatacttggt ggcaccggtc caggcaaagt 780

tgctgttgtc attttgcgac agtgtcgtgg agacgcgttg ctgccggtag cagggcccgg 840

gtagccagtt tttggcctga gccgacatgt tattaggccc ggcctgagaa aatagcaact 900

gctgagttcc tgcggtacct cccgtggact gagtccgaga caggtagtac aggtactggt 960

cgatgagggg gttcatcagc cggtccaggc tttggctgtg cgcgtagctg ctgtgaaaag 1020

gcacgtcctc aaactggtag ctgaactcaa agttgttgcc cgttctcagc atttgagaag 1080

gaaagtactc caggcagtag aaggaggaac ggcccacggc ctgactgcca ttgttcagag 1140

tcaggtaccc gtactgagga atcatgaaga cgtccgccgg gaacggaggc aggcagccct 1200

ggtgcgcaga gccgaggacg tacgggagct ggtattccga gtccgtaaag acctgaatcg 1260

tgctggtaag gttattggcg atggtcttgg tgccttcatt ctgcgtgacc tccttgacct 1320

ggatgttgaa gagcttgaag ttgaggctct tgggccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380

gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttaaagtca aaataccccc 1440

agggggtgct gtagccgaag taggtgttgt cgttggtgct tcctcccgaa gtcccgttgg 1500

agatttgctt gtagaggtgg ttgttgtagg tggggagggc ccaggttcgg gtgctggtgg 1560

tgatgactcc gtcgcccagc catgtggaat cgcaatgcca atttcctgag gaactaccca 1620

ctccgtcggc gccttcgtta ttgtctgcca ttggagcgcc accgcctgca gccattgtac 1680

cagatcccag accagagggg cctgcggggg gttctccgat tggttgaggg tcgggcactg 1740

actctgagtc gccagtctgc ccaaagttga gtctcttttt cgcgggctgc tggcctttct 1800

tgccgatgcc cgtagaggag tctggagaac gctggggtga tggctctacc ggtctcttct 1860

ttccaggagc cgtcttagcg ccttcctcaa ccagaccgag aggttcgaga acccgcttct 1920

tggcctggaa gactgctcgc ccgaggttgc ccccaaaaga cgtatcttct tgcagacgct 1980

cctgaaactc ggcgtcggcg tggttatacc gcaggtacgg attgtcaccc gctttgagct 2040

gctggtcgta ggccttgtcg tgctcgaggg ccgctgcgtc cgccgcgttg acgggctccc 2100

ccttgtcgag tccgttgaag ggtccgaggt acttgtagcc aggaagcacc agaccccggc 2160

cgtcgtcctg cttttgctgg ttggctttgg gcttcggggc tccaggtttc agcgcccacc 2220

actcgcgaat gccctcagag aggttgtcct cgagccaatc tggaagataa ccatcggcag 2280

ccatacctga tttaaatcat ttattgttca aagatgcagt catccaaatc cacattgacc 2340

agatcgcagg cagtgcaagc gtctggcacc tttcccatga tatgatgaat gtagcacagt 2400

ttctgatacg ccttttttgac gacagaaacg ggttgagatt ctgacacggg aaagcactct 2460

aaacagtctt tctgtccgtg agtgaagcag atatttgaat tctgattcat tctctcgcat 2520

tgtctgcagg gaaacagcat cagattcatg cccacgtgac gagaacattt gttttggtac 2580

ctgtctgcgt agttgatcga agcttccgcg tctgacgtcg atggctgcgc aactgactcg 2640

cgcacccgtt tgggctcact tatatctgcg tcactggggg cgggtctttt cttggctcca 2700

ccctttttga cgtagaattc atgctccacc tcaaccacgt gatcctttgc ccaccggaaa 2760

aagtctttga cttcctgctt ggtgaccttc ccaaagtcat gatccagacg gcgggtgagt 2820

tcaaatttga acatccggtc ttgcaacggc tgctggtgtt cgaaggtcgt tgagttcccg 2880

tcaatcacgg cgcacatgtt ggtgttggag gtgacgatca cgggagtcgg gtctatctgg 2940

gccgaggact tgcatttctg gtccacgcgc accttgcttc ctccgagaat ggctttggcc 3000

gactccacga ccttggcggt catcttcccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgaca 3060

cagtcgttga agggaaagtt ctcattggtc cagttgacgc agccgtagaa agggcgaatt 3120

c 3121

<210> 399

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 399

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaagg gggctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg agactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

agaggggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgactg gaactgtcaa tcatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgtg a 2211

<210> 400

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 3

<400> 400

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

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

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly
130 135 140

Ala Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

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

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

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Arg Gly Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

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

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 401

<211> 4726

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 3

<400> 401

ttggccactc cctctatgcg cactcgctcg ctcggtgggg cctggcgacc aaaggtcgcc 60

agacggacgt gctttgcacg tccggcccca ccgagcgagc gagtgcgcat agagggagtg 120

gccaactcca tcactagagg tatggcagtg acgtaacgcg aagcgcgcga agcgagacca 180

cgcctaccag ctgcgtcagc agtcaggtga ccctttgcg acagtttgcg acaccacgtg 240

gccgctgagg gtatatattc tcgagtgagc gaaccaggag ctccattttg accgcgaaat 300

ttgaacgagc agcagccatg ccggggttct acgagattgt cctgaaggtc ccgagtgacc 360

tggacgagcg cctgccgggc atttctaact cgtttgttaa ctgggtggcc gagaaggaat 420

gggacgtgcc gccggattct gacatggatc cgaatctgat tgagcaggca cccctgaccg 480

tggccgaaaa gcttcagcgc gagttcctgg tggagtggcg ccgcgtgagt aaggccccgg 540

aggccctctt ttttgtccag ttcgaaaagg gggagaccta cttccacctg cacgtgctga 600

ttgagaccat cggggtcaaa tccatggtgg tcggccgcta cgtgagccag attaaagaga 660

agctggtgac ccgcatctac cgcggggtcg agccgcagct tccgaactgg ttcgcggtga 720

ccaaaacgcg aaatggcgcc gggggcggga acaaggtggt ggacgactgc tacatcccca 780

actacctgct ccccaagacc cagcccgagc tccagtgggc gtggactaac atggaccagt 840

atttaagcgc ctgtttgaat ctcgcggagc gtaaacggct ggtggcgcag catctgacgc 900

acgtgtcgca gacgcaggag cagaacaaag agaatcagaa ccccaattct gacgcgccgg 960

tcatcaggtc aaaaacctca gccaggtaca tggagctggt cgggtggctg gtggaccgcg 1020

ggatcacgtc agaaaagcaa tggattcagg aggaccaggc ctcgtacatc tccttcaacg 1080

ccgcctccaa ctcgcggtcc cagatcaagg ccgcgctgga caatgcctcc aagatcatga 1140

gcctgacaaa gacggctccg gactacctgg tgggcagcaa cccgccggag gacattacca 1200

aaaatcggat ctaccaaatc ctggagctga acgggtacga tccgcagtac gcggcctccg 1260

tcttcctggg ctgggcgcaa aagaagttcg ggaagaggaa caccatctgg ctctttgggc 1320

cggccacgac gggtaaaacc aacatcgcgg aagccatcgc ccacgccgtg cccttctacg 1380

gctgcgtaaa ctggaccaat gagaactttc ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga 1440

tctggtggga ggagggcaag atgacggcca aggtcgtgga gagcgccaag gccattctgg 1500

gcggaagcaa ggtgcgcgtg gaccaaaagt gcaagtcatc ggcccagatc gaacccactc 1560

ccgtgatcgt cacctccaac accaacatgt gcgccgtgat tgacgggaac agcaccacct 1620

tcgagcatca gcagccgctg caggaccgga tgtttgaatt tgaacttacc cgccgtttgg 1680

accatgactt tgggaaggtc accaaacagg aagtaaagga ctttttccgg tgggcttccg 1740

atcacgtgac tgacgtggct catgagttct acgtcagaaa gggtggagct aagaaacgcc 1800

ccgcctccaa tgacgcggat gtaagcgagc caaaacggga gtgcacgtca cttgcgcagc 1860

cgacaacgtc agacgcggaa gcaccggcgg actacgcgga caggtaccaa aacaaatgtt 1920

ctcgtcacgt gggcatgaat ctgatgcttt ttccctgtaa aacatgcgag agaatgaatc 1980

aaatttccaa tgtctgtttt acgcatggtc aaagagactg tggggaatgc ttccctggaa 2040

tgtcagaatc tcaacccgtt tctgtcgtca aaaagaagac ttatcagaaa ctgtgtccaa 2100

ttcatcatat cctgggaagg gcacccgaga ttgcctgttc ggcctgcgat ttggccaatg 2160

tggacttgga tgactgtgtt tctgagcaat aaatgactta aaccaggtat ggctgctgac 2220

ggttatcttc cagattggct cgaggacaac ctttctgaag gcattcgtga gtggtgggct 2280

ctgaaacctg gagtccctca acccaaagcg aaccaacaac accaggacaa ccgtcggggt 2340

cttgtgcttc cgggttacaa atacctcgga cccggtaacg gactcgacaa aggagagccg 2400

gtcaacgagg cggacgcggc agccctcgaa cacgacaaag cttacgacca gcagctcaag 2460

gccggtgaca acccgtacct caagtacaac cacgccgacg ccgagtttca ggagcgtctt 2520

caagaagata cgtcttttgg gggcaacctt ggcagagcag tcttccaggc caaaaagagg 2580

atccttgagc ctcttggtct ggttgaggaa gcagctaaaa cggctcctgg aaagaagggg 2640

gctgtagatc agtctcctca ggaaccggac tcatcatctg gtgttggcaa atcgggcaaa 2700

cagcctgcca gaaaaagact aaatttcggt cagactggag actcagagtc agtcccagac 2760

cctcaacctc tcggagaacc accagcagcc cccacaagtt tgggatctaa tacaatggct 2820

tcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgagggtg ccgatggagt gggtaattcc 2880

tcaggaaatt ggcattgcga ttcccaatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 2940

agaacctggg ccctgcccac ttacaacaac catctctaca agcaaatctc cagccaatca 3000

ggagcttcaa acgacaacca ctactttggc tacagcaccc cttgggggta ttttgacttt 3060

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcattaa caacaactgg 3120

ggattccggc ccaagaaact cagcttcaag ctcttcaaca tccaagttag aggggtcacg 3180

cagaacgatg gcacgacgac tattgccaat aaccttacca gcacggttca agtgtttacg 3240

gactcggagt atcagctccc gtacgtgctc gggtcggcgc accaaggctg tctcccgccg 3300

tttccagcgg acgtcttcat ggtccctcag tatggatacc tcaccctgaa caacggaagt 3360

caagcggtgg gacgctcatc cttttactgc ctggagtact tcccttcgca gatgctaagg 3420

actggaaata acttccaatt cagctatacc ttcgaggatg tacctttca cagcagctac 3480

gctcacagcc agagtttgga tcgcttgatg aatcctctta ttgatcagta tctgtactac 3540

ctgaacagaa cgcaaggaac aacctctgga acaaccaacc aatcacggct gctttttagc 3600

caggctgggc ctcagtctat gtctttgcag gccagaaatt ggctacctgg gccctgctac 3660

cggcaacaga gactttcaaa gactgctaac gacaacaaca acagtaactt tccttggaca 3720

gcggccagca aatatcatct caatggccgc gactcgctgg tgaatccagg accagctatg 3780

gccagtcaca aggacgatga agaaaaattt ttccctatgc acggcaatct aatatttggc 3840

aaagaaggga caacggcaag taacgcagaa ttagataatg taatgattac ggatgaagaa 3900

gagattcgta ccaccaatcc tgtggcaaca gagcagtatg gaactgtggc aaataacttg 3960

cagagctcaa atacagctcc cacgactgga actgtcaatc atcaggggc cttacctggc 4020

atggtgtggc aagatcgtga cgtgtacctt caaggaccta tctgggcaaa gattcctcac 4080

acggatggac actttcatcc ttctcctctg atgggaggct ttggactgaa acatccgcct 4140

cctcaaatca tgatcaaaaa tactccggta ccggcaaatc ctccgacgac tttcagcccg 4200

gccaagtttg cttcatttat cactcagtac tccactggac aggtcagcgt ggaaattgag 4260

tgggagctac agaaagaaaa cagcaaacgt tggaatccag agattcagta cacttccaac 4320

tacaacaagt ctgttaatgt ggactttact gtagacacta atggtgttta tagtgaacct 4380

cgccctattg gaacccggta tctcacacga aacttgtgaa tcctggttaa tcaataaacc 4440

gtttaattcg tttcagttga actttggctc ttgtgcactt ctttatcttt atcttgtttc 4500

catggctact gcgtagataa gcagcggcct gcggcgcttg cgcttcgcgg tttacaactg 4560

ctggttaata tttaactctc gccatacctc tagtgatgga gttggccact ccctctatgc 4620

gcactcgctc gctcggtggg gcctggcgac caaaggtcgc cagacggacg tgctttgcac 4680

gtccggcccc accgagcgag cgagtgcgca tagagggagt ggccaa 4726

<210> 402

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 402

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Asn Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Ala Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Glu Gln Ile Ser Ser Glu Thr Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asp Pro Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

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

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

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

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asp Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Phe Glu Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 403

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 403

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaagg gggctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg agactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

agaggggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgactg gaactgtcaa tcatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 404

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 404

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

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

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

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

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

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

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

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

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

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

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

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

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

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 405
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 3A
<400> 405
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

Ala Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

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

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

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

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

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

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 406

<211> 624

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 3A

<400> 406

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

1 5 10 15

Glu Arg Leu Pro Gly Ile Ser Asn Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu
20 25 30

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

Thr Ile Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile
100 105 110
Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu
115 120 125
Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140
Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160

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

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255
Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

260 265 270

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

275 280 285

Pro Pro Glu Asp Ile Thr Lys Asn Arg Ile Tyr Gln Ile Leu Glu Leu

290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala

305 310 315 320

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Glu Pro Thr Pro Val

405 410 415

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

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Glu Phe

435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Asp His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460

Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Asp Val

465 470 475 480

Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Lys Lys Arg Pro Ala

485 490 495

Ser Asn Asp Ala Asp Val Ser Glu Pro Lys Arg Glu Cys Thr Ser Leu

500 505 510

Ala Gln Pro Thr Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Ala Asp Tyr Ala Asp
515 520 525
Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
530 535 540

Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Ile Ser Asn Val Cys
545 550 555 560
Phe Thr His Gly Gln Arg Asp Cys Gly Glu Cys Phe Pro Gly Met Ser
565 570 575
Glu Ser Gln Pro Val Ser Val Val Lys Lys Lys Thr Tyr Gln Lys Leu
580 585 590
Cys Pro Ile His His Ile Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser
595 600 605

Ala Cys Asp Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln
610 615 620

<210> 407
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 3B
<400> 407

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

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

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

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

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

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 408

<211> 624

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 3B

<400> 408

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

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asn Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu
20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Pro Asn Leu Ile
35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Glu Phe Leu
50 55 60

Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80
Gln Phe Glu Lys Gly Glu Thr Tyr Phe His Leu His Val Leu Ile Glu
85 90 95
Thr Ile Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile
100 105 110
Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu
115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140
Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160
Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Asp Gln Tyr Leu
165 170 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn
195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255

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

305 310 315 320

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Glu Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Asp His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Asp Val
465 470 475 480
Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Lys Lys Arg Pro Ala
485 490 495
Ser Asn Asp Ala Asp Val Ser Glu Pro Lys Arg Gln Cys Thr Ser Leu
500 505 510

Ala Gln Pro Thr Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Ala Asp Tyr Ala Asp
515 520 525
Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
530 535 540
Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Ile Ser Asn Val Cys
545 550 555 560

Phe Thr His Gly Gln Arg Asp Cys Gly Glu Cys Phe Pro Gly Met Ser
565 570 575

Glu Ser Gln Pro Val Ser Val Val Lys Lys Lys Thr Tyr Gln Lys Leu
580 585 590

Cys Pro Ile His His Ile Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser
595 600 605

Ala Cys Asp Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln
610 615 620

<210> 409

<211> 4722

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 3B

<400> 409

tggccactcc ctctatgcgc actcgctcgc tcggtggggc ctggcgacca aaggtcgcca 60

gacggacgtg ctttgcacgt ccggccccac cgagcgagcg agtgcgcata gagggagtgg 120

ccaactccat cactagaggt atggcagtga cgtaacgcga agcgcgcgaa gcgagaccac 180

gcctaccagc tgcgtcagca gtcaggtgac ccttttgcga cagtttgcga caccacgtgg 240

ccgctgaggg tatatattct cgagtgagcg aaccaggagc tccattttga ccgcgaaatt 300

tgaacgagca gcagccatgc cggggttcta cgagattgtc ctgaaggtcc cgagtgacct 360

ggacgagcac ctgccgggca tttctaactc gtttgttaac tgggtggccg agaaggaatg 420

ggagctgccg ccggattctg acatggatcc gaatctgatt gagcaggcac ccctgaccgt 480

ggccgaaaag cttcagcgcg agttcctggt ggagtggcgc cgcgtgagta aggccccgga 540

ggccctcttt tttgtccagt tcgaaaaggg ggagacctac ttccacctgc acgtgctgat 600

tgagaccatc ggggtcaaat ccatggtggt cggccgctac gtgagccaga ttaaagagaa 660

gctggtgacc cgcatctacc gcggggtcga gccgcagctt ccgaactggt tcgcggtgac 720

caaaacgcga aatggcgccg ggggcgggaa caaggtggtg gacgactgct acatccccaa 780

ctacctgctc cccaagaccc agcccgagct ccagtgggcg tggactaaca tggaccagta 840

tttaagcgcc tgtttgaatc tcgcggagcg taaacggctg gtggcgcagc atctgacgca 900

cgtgtcgcag acgcaggagc agaacaaaga gaatcagaac cccaattctg acgcgccggt 960

catcaggtca aaaacctcag ccaggtacat ggagctggtc gggtggctgg tggaccgcgg 1020

gatcacgtca gaaaagcaat ggattcagga ggaccaggcc tcgtacatct ccttcaacgc 1080

cgcctccaac tcgcggtccc agatcaaggc cgcgctggac aatgcctcca agatcatgag 1140

cctgacaaag acggctccgg actacctggt gggcagcaac ccgccggagg acattaccaa 1200

aaatcggatc taccaaatcc tggagctgaa cgggtacgat ccgcagtacg cggcctccgt 1260

cttcctgggc tgggcgcaaa agaagttcgg gaagaggaac accatctggc tctttgggcc 1320

ggccacgacg ggtaaaacca acatcgcgga agccatcgcc cacgccgtgc ccttctacgg 1380

ctgcgtaaac tggaccaatg agaactttcc cttcaacgat tgcgtcgaca agatggtgat 1440

ctggtgggag gagggcaaga tgacggccaa ggtcgtggag agcgccaagg ccattctggg 1500

cggaagcaag gtgcgcgtgg accaaaagtg caagtcatcg gcccagatcg aacccactcc 1560

cgtgatcgtc acctccaaca ccaacatgtg cgccgtgatt gacgggaaca gcaccacctt 1620

cgagcatcag cagccgctgc aggaccggat gtttaaattt gaacttaccc gccgtttgga 1680

ccatgacttt gggaaggtca ccaaacagga agtaaaggac tttttccggt gggcttccga 1740

tcacgtgact gacgtggctc atgagttcta cgtcagaaag ggtggagcta agaaacgccc 1800

cgcctccaat gacgcggatg taagcgagcc aaaacggcag tgcacgtcac ttgcgcagcc 1860

gacaacgtca gacgcggaag caccggcgga ctacgcggac aggtaccaaa acaaatgttc 1920

tcgtcacgtg ggcatgaatc tgatgctttt tccctgtaaa acatgcgaga gaatgaatca 1980

aatttccaat gtctgtttta cgcatggtca aagagactgt ggggaatgct tccctggaat 2040

gtcagaatct caacccgttt ctgtcgtcaa aaagaagact tatcagaaac tgtgtccaat 2100

tcatcatatc ctgggaaggg cacccgagat tgcctgttcg gcctgcgatt tggccaatgt 2160

ggacttggat gactgtgttt ctgagcaata aatgacttaa accaggtatg gctgctgacg 2220

gttatcttcc agattggctc gaggacaacc tttctgaagg cattcgtgag tggtgggctc 2280

tgaaacctgg agtccctcaa cccaaagcga accaacaaca ccaggacaac cgtcggggtc 2340

ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggtaacgg actcgacaaa ggagagccgg 2400

tcaacgaggc ggacgcggca gccctcgaac acgacaaagc ttacgaccag cagctcaagg 2460

ccggtgacaa cccgtacctc aagtacaacc acgccgacgc cgagtttcag gagcgtcttc 2520

aagaagatac gtcttttggg ggcaaccttg gcagagcagt cttccaggcc aaaaagagga 2580

tccttgagcc tcttggtctg gttgaggaag cagctaaaac ggctcctgga aagaagaggc 2640

ctgtagatca gtctcctcag gaaccggact catcatctgg tgttggcaaa tcgggcaaac 2700

agcctgccag aaaaagacta aatttcggtc agactggcga ctcagagtca gtcccagacc 2760

ctcaacctct cggagaacca ccagcagccc ccacaagttt gggatctaat acaatggctt 2820

caggcggtgg cgcaccaatg gcagacaata acgagggtgc cgatggagtg ggtaattcct 2880

caggaaattg gcattgcgat tcccaatggc tgggcgacag agtcatcacc accagcacca 2940

gaacctgggc cctgcccact tacaacaacc atctctacaa gcaaatctcc agccaatcag 3000

gagcttcaaa cgacaaccac tactttggct acagcacccc ttgggggtat tttgacttta 3060
acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcattaac aacaactggg 3120
gattccggcc caagaaactc agcttcaagc tcttcaacat ccaagttaaa gaggtcacgc 3180
agaacgatgg cacgacgact attgccaata accttaccag cacggttcaa gtgtttacgg 3240
actcggagta tcagctcccg tacgtgctcg ggtcggcgca ccaaggctgt ctcccgccgt 3300
ttccagcgga cgtcttcatg gtccctcagt atggatacct caccctgaac aacggaagtc 3360
aagcggtggg acgctcatcc ttttactgcc tggagtactt cccttcgcag atgctaagga 3420

ctggaaataa cttccaattc agctatacct tcgaggatgt acctttтcac agcagctacg 3480
ctcacagcca gagtttggat cgcttgatga atcctcttat tgatcagtat ctgtactacc 3540
tgaacagaac gcaaggaaca acctctggaa caaccaacca atcacggctg ctttttagcc 3600
aggctgggcc tcagtctatg tctttgcagg ccagaaattg gctacctggg ccctgctacc 3660
ggcaacagag actttcaaag actgctaacg acaacaacaa cagtaacttt ccttggacag 3720
cggccagcaa atatcatctc aatggccgcg actcgctggt gaatccagga ccagctatgg 3780
ccagtcacaa ggacgatgaa gaaaaatttt tccctatgca cggcaatcta atatttggca 3840

aagaagggac aacggcaagt aacgcagaat tagataatgt aatgattacg gatgaagaag 3900
agattcgtac caccaatcct gtggcaacag agcagtatgg aactgtggca aataacttgc 3960
agagctcaaa tacagctccc acgactagaa ctgtcaatga tcaggggcc ttacctggca 4020
tggtgtggca agatcgtgac gtgtaccttc aaggacctat ctgggcaaag attcctcaca 4080
cggatggaca ctttcatcct tctcctctga tgggaggctt tggactgaaa catccgcctc 4140
ctcaaatcat gatcaaaaat actccggtac cggcaaatcc tccgacgact ttcagcccgg 4200
ccaagtttgc ttcatttatc actcagtact ccactggaca ggtcagcgtg gaaattgagt 4260

gggagctaca gaaagaaaac agcaaacgtt ggaatccaga gattcagtac acttccaact 4320
acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tagacactaa tggtgtttat agtgaacctc 4380
gccctattgg aacccggtat ctcacacgaa acttgtaatc ctggttaatc aataaaccgt 4440
ttaattcgtt tcagttgaac tttggctctt gtgcacttct tatcttatct tgtttccatg 4500
gctactgcgt agataagcag cggcctgcgg cgcttgcgct tcgcggttta caactgctgg 4560
ttaatattta actctcgcca tacctctagt gatggagttg gccactccct ctatgcgcac 4620
tcgctcgctc ggtggggccg gacgtgcaaa gcacgtccgt ctggcgacct ttggtcgcca 4680

ggccccaccg agcgagcgag tgcgcataga gggagtggcc aa 4722

<210> 410

<211> 1800

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> modified_base

<222> (342)..(342)

<223> a, c, t or g

<400> 410

acggctcctg gaaagaagag accgttgatt gaatcccccc agcagcccga ctcctccacg 60

ggtatcggca aaaaaggcaa gcagccggct aaaaagaagc tcgttttcga agacgaaact 120

ggagcaggcg acggaccccc tgagggatca acttccggag ccatgtctga tgacagtgag 180

atgcgtgcag cagctggcgg agctgcagtc gagggsggac aaggtgccga tggagtgggt 240

aatgcctcgg gtgattggca ttgcgattcc acctggtctg agggccacgt cacgaccacc 300

agcaccagaa cctgggtctt gcccacctac aacaaccacc tntacaagcg actcggagag 360

agcctgcagt ccaacaccta caacggattc tccacccccct ggggatactt tgacttcaac 420

cgcttccact gccacttctc accacgtgac tggcagcgac tcatcaacaa caactggggc 480

atgcgaccca aagccatgcg ggtcaaaatc ttcaacatcc aggtcaagga ggtcacgacg 540

tcgaacggcg agacaacggt ggctaataac cttaccagca cggttcagat ctttgcggac 600

tcgtcgtacg aactgccgta cgtgatggat gcgggtcaag agggcagcct gcctcctttt 660

cccaacgacg tctttatggt gccccagtac ggctactgtg gactggtgac cggcaacact 720

tcgcagcaac agactgacag aaatgccttc tactgcctgg agtactttcc ttcgcagatg 780

ctgcggactg gcaacaactt tgaaattacg tacagttttg agaaggtgcc tttccactcg 840

atgtacgcgc acagccagag cctggaccgg ctgatgaacc ctctcatcga ccagtacctg 900

tggggactgc aatcgaccac caccggaacc accctgaatg ccgggactgc caccaccaac 960

tttaccaagc tgcggcctac caacttttcc aactttaaaa agaactggct gcccgggcct 1020

tcaatcaagc agcagggctt ctcaaagact gccaatcaaa actacaagat ccctgccacc 1080

gggtcagaca gtctcatcaa atacgagacg cacagcactc tggacggaag atggagtgcc 1140

ctgacccccg gacctccaat ggccacggct ggacctgcgg acagcaagtt cagcaacagc 1200

cagctcatct ttgcggggcc taaacagaac ggcaacacgg ccaccgtacc cgggactctg 1260

atcttcacct ctgaggagga gctggcagcc accaacgcca ccgatacgga catgtggggc 1320

aacctacctg gcggtgacca gagcaacagc aacctgccga ccgtggacag actgacagcc 1380

ttgggagccg tgcctggaat ggtctggcaa aacagagaca tttactacca gggtcccatt 1440

tgggccaaga ttcctcatac cgatggacac tttcacccct caccgctgat tggtgggttt 1500

gggctgaaac acccgcctcc tcaaattttt atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1560

gcaacgacct tcagctctac tccggtaaac tccttcatta ctcagtacag cactggccag 1620

gtgtcggtgc agattgactg ggagatccag aaggagcggt ccaaacgctg gaaccccgag 1680

gtccagttta cctccaacta cggacagcaa aactctctgt tgtgggctcc cgatgcggct 1740

gggaaataca ctgagcctag ggctatcggt acccgctacc tcacccacca cctgtaataa 1800

<210> 411

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> modified_base

<222> (750)..(750)

<223> a, c, t or g

<400> 411

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggacccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggsggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctn tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc aacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaataa 2208

<210> 412

<211> 1872

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 412

atgccggggt tctacgagat cgtgctgaag gtgcccagcg acctggacga gcacctgccc 60

ggcatttctg actcttttgt gagctgggtg gccgagaagg aatgggagct gccgccggat 120

tctgacatgg acttgaatct gattgagcag gcacccctga ccgtggccga aaagctgcaa 180

cgcgagttcc tggtcgagtg gcgccgcgtg agtaaggccc cggaggccct cttctttgtc 240

cagttcgaga agggggacag ctacttccac ctgcacatcc tggtggagac cgtgggcgtc 300

aaatccatgg tggtgggccg ctacgtgagc cagattaaag agaagctggt gacccgcatc 360

taccgcgggg tcgagccgca gcttccgaac tggttcgcgg tgaccaagac gcgtaatggc 420

gccggaggcg ggaacaaggt ggtggacgac tgctacatcc ccaactacct gctccccaag 480

acccagcccg agctccagtg ggcgtggact aacatggacc agtatataag cgcctgtttg 540

aatctcgcgg agcgtaaacg gctggtggcg cagcatctga cgcacgtgtc gcagacgcag 600

gagcagaaca aggaaaacca gaaccccaat tctgacgcgc cggtcatcag gtcaaaaacc 660

tccgccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctggtggacc gcgggatcac gtcagaaaag 720

caatggatcc aggaggacca ggcgtcctac atctccttca acgccgcctc caactcgcgg 780

tcacaaatca aggccgcgct ggacaatgcc tccaaaatca tgagcctgac aaagacggct 840

ccggactacc tggtgggcca gaacccgccg gaggacattt ccagcaaccg catctaccga 900

atcctcgaga tgaacgggta cgatccgcag tacgcggcct ccgtcttcct gggctgggcg 960

caaaagaagt tcgggaagag gaacaccatc tggctctttg ggccggccac gacgggtaaa 1020

accaacatcg cggaagccat cgcccacgcc gtgcccttct acggctgcgt gaactggacc 1080

aatgagaact ttccgttcaa cgattgcgtc gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc 1140

aagatgacgg ccaaggtcgt agagagcgcc aaggccatcc tgggcggaag caaggtgcgc 1200

gtggaccaaa agtgcaagtc atcggcccag atcgacccaa ctcccgtgat cgtcacctcc 1260

aacaccaaca tgtgcgcggt catcgacgga aactcgacca ccttcgagca ccaacaacca 1320

ctccaggacc ggatgttcaa gttcgagctc accaagcgcc tggagcacga ctttggcaag 1380

gtcaccaagc aggaagtcaa agacttttтc cggtgggcgt cagatcacgt gaccgaggtg 1440

actcacgagt tttacgtcag aaagggtgga gctagaaaga ggcccgcccc caatgacgca 1500

gatataagtg agcccaagcg ggcctgtccg tcagttgcgc agccatcgac gtcagacgcg 1560

gaagctccgg tggactacgc ggacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgtgggtatg 1620

aatctgatgc ttttтccctg ccggcaatgc gagagaatga atcagaatgt ggacatttgc 1680

ttcacgcacg gggtcatgga ctgtgccgag tgcttccccg tgtcagaatc tcaacccgtg 1740

tctgtcgtca gaaagcggac gtatcagaaa ctgtgtccga ttcatcacat catggggagg 1800

gcgcccgagg tggcctgctc ggcctgcgaa ctggccaatg tggacttgga tgactgtgac 1860

atggaacaat aa 1872

<210> 413

<211> 1611

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 413

atgccggggt tctacgagat cgtgctgaag gtgcccagcg acctggacga gcacctgccc 60

ggcatttctg actcttttgt gagctgggtg gccgagaagg aatgggagct gccgccggat 120

tctgacatgg acttgaatct gattgagcag gcacccctga ccgtggccga aaagctgcaa 180

cgcgagttcc tggtcgagtg gcgccgcgtg agtaaggccc cggaggccct cttctttgtc 240

cagttcgaga agggggacag ctacttccac ctgcacatcc tggtggagac cgtgggcgtc 300

aaatccatgg tggtgggccg ctacgtgagc cagattaaag agaagctggt gacccgcatc 360

taccgcgggg tcgagccgca gcttccgaac tggttcgcgg tgaccaagac gcgtaatggc 420

gccggaggcg ggaacaaggt ggtggacgac tgctacatcc ccaactacct gctccccaag 480

acccagcccg agctccagtg ggcgtggact aacatggacc agtatataag cgcctgtttg 540

aatctcgcgg agcgtaaacg gctggtggcg cagcatctga cgcacgtgtc gcagacgcag 600

gagcagaaca aggaaaacca gaaccccaat tctgacgcgc cggtcatcag gtcaaaaacc 660

tccgccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctggtggacc gcgggatcac gtcagaaaag 720

caatggatcc aggaggacca ggcgtcctac atctccttca acgccgcctc caactcgcgg 780

tcacaaatca aggccgcgct ggacaatgcc tccaaaatca tgagcctgac aaagacggct 840

ccggactacc tggtgggcca gaacccgccg gaggacattt ccagcaaccg catctaccga 900

atcctcgaga tgaacgggta cgatccgcag tacgcggcct ccgtcttcct gggctgggcg 960

caaaagaagt tcgggaagag gaacaccatc tggctctttg ggccggccac gacgggtaaa 1020

accaacatcg cggaagccat cgcccacgcc gtgcccttct acggctgcgt gaactggacc 1080

aatgagaact ttccgttcaa cgattgcgtc gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc 1140

aagatgacgg ccaaggtcgt agagagcgcc aaggccatcc tgggcggaag caaggtgcgc 1200

gtggaccaaa agtgcaagtc atcggcccag atcgacccaa ctcccgtgat cgtcacctcc 1260

aacaccaaca tgtgcgcggt catcgacgga aactcgacca ccttcgagca ccaacaacca 1320

ctccaggacc ggatgttcaa gttcgagctc accaagcgcc tggagcacga ctttggcaag 1380

gtcaccaagc aggaagtcaa agacttttc cggtgggcgt cagatcacgt gaccgaggtg 1440

actcacgagt tttacgtcag aaagggtgga gctagaaaga ggcccgcccc caatgacgca 1500

gatataagtg agcccaagcg ggcctgtccg tcagttgcgc agccatcgac gtcagacgcg 1560

gaagctccgg tggactacgc ggacagattg gctagaggac aacctctctg a 1611

<210> 414

<211> 1872

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 414

atgccggggt tctacgagat cgtgctgaag gtgcccagcg acctggacga gcacctgccc 60

ggcatttctg actcttttgt gagctgggtg gccgagaagg aatgggagct gccgccggat 120

tctgacatgg acttgaatct gattgagcag gcacccctga ccgtggccga aaagctgcaa 180

cgcgagttcc tggtcgagtg gcgccgcgtg agtaaggccc cggaggccct cttctttgtc 240

cagttcgaga agggggacag ctacttccac ctgcacatcc tggtggagac cgtgggcgtc 300

aaatccatgg tggtgggccg ctacgtgagc cagattaaag agaagctggt gacccgcatc 360

taccgcgggg tcgagccgca gcttccgaac tggttcgcgg tgaccaagac gcgtaatggc 420

gccggaggcg ggaacaaggt ggtggacgac tgctacatcc ccaactacct gctccccaag 480

acccagcccg agctccagtg ggcgtggact aacatggacc agtatataag cgcctgtttg 540

aatctcgcgg agcgtaaacg gctggtggcg cagcatctga cgcacgtgtc gcagacgcag 600

gagcagaaca aggaaaacca gaaccccaat tctgacgcgc cggtcatcag gtcaaaaacc 660

tccgccaggt acatggagct ggtcgggtgg ctggtggacc gcgggatcac gtcagaaaag 720

caatggatcc aggaggacca ggcgtcctac atctccttca acgccgcctc caactcgcgg 780

tcacaaatca aggccgcgct ggacaatgcc tccaaaatca tgagcctgac aaagacggct 840

ccggactacc tggtgggcca gaacccgccg gaggacattt ccagcaaccg catctaccga 900

atcctcgaga tgaacgggta cgatccgcag tacgcggcct ccgtcttcct gggctgggcg 960

caaaagaagt tcgggaagag gaacaccatc tggctctttg ggccggccac gacgggtaaa 1020

accaacatcg cggaagccat cgcccacgcc gtgcccttct acggctgcgt gaactggacc 1080

aatgagaact ttccgttcaa cgattgcgtc gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc 1140

aagatgacgg ccaaggtcgt agagagcgcc aaggccatcc tgggcggaag caaggtgcgc 1200

gtggaccaaa agtgcaagtc atcggcccag atcgacccaa ctcccgtgat cgtcacctcc 1260

aacaccaaca tgtgcgcggt catcgacgga aactcgacca ccttcgagca ccaacaacca 1320

ctccaggacc ggatgttcaa gttcgagctc accaagcgcc tggagcacga ctttggcaag 1380

gtcaccaagc aggaagtcaa agacttttc cggtgggcgt cagatcacgt gaccgaggtg 1440

actcacgagt tttacgtcag aaagggtgga gctagaaaga ggcccgcccc caatgacgca 1500

gatataagtg agcccaagcg ggcctgtccg tcagttgcgc agccatcgac gtcagacgcg 1560

gaagctccgg tggactacgc ggacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgtgggtatg 1620

aatctgatgc tttttccctg ccggcaatgc gagagaatga atcagaatgt ggacatttgc 1680

ttcacgcacg gggtcatgga ctgtgccgag tgcttccccg tgtcagaatc tcaacccgtg 1740

tctgtcgtca gaaagcggac gtatcagaaa ctgtgtccga ttcatcacat catggggagg 1800

gcgcccgagg tggcctgctc ggcctgcgaa ctggccaatg tggacttgga tgactgtgac 1860

atggaacaat aa 1872

<210> 415

<211> 1617

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> modified_base

<222> (162)..(162)

<223> a, c, t or g

<400> 415

atgcgtgcag cagctggcgg agctgcagtc gagggsggac aaggtgccga tggagtgggt 60

aatgcctcgg gtgattggca ttgcgattcc acctggtctg agggccacgt cacgaccacc 120

agcaccagaa cctgggtctt gcccacctac aacaaccacc tntacaagcg actcggagag 180

agcctgcagt ccaacaccta caacggattc tccacccccc ggggatactt tgacttcaac 240

cgcttccact gccacttctc accacgtgac tggcagcgac tcatcaacaa caactggggc 300

atgcgaccca aagccatgcg ggtcaaaatc ttcaacatcc aggtcaagga ggtcacgacg 360

tcgaacggcg agacaacggt ggctaataac cttaccagca cggttcagat ctttgcggac 420

tcgtcgtacg aactgccgta cgtgatggat gcgggtcaag agggcagcct gcctcctttt 480

cccaacgacg tctttatggt gccccagtac ggctactgtg gactggtgac cggcaacact 540

tcgcagcaac agactgacag aaatgccttc tactgcctgg agtactttcc ttcgcagatg 600

ctgcggactg gcaacaactt tgaaattacg tacagttttg agaaggtgcc tttccactcg 660

atgtacgcgc acagccagag cctggaccgg ctgatgaacc ctctcatcga ccagtacctg 720

tggggactgc aatcgaccac caccggaacc accctgaatg ccgggactgc caccaccaac 780

tttaccaagc tgcggcctac caacttttcc aactttaaaa agaactggct gcccgggcct 840

tcaatcaagc agcagggctt ctcaaagact gccaatcaaa actacaagat ccctgccacc 900

gggtcagaca gtctcatcaa atacgagacg cacagcactc tggacggaag atggagtgcc 960

ctgacccccg gacctccaat ggccacggct ggacctgcgg acagcaagtt cagcaacagc 1020

cagctcatct ttgcggggcc taaacagaac ggcaacacgg ccaccgtacc cgggactctg 1080

atcttcacct ctgaggagga gctggcagcc accaacgcca ccgatacgga catgtggggc 1140

aacctacctg gcggtgacca gagcaacagc aacctgccga ccgtggacag actgacagcc 1200

ttgggagccg tgcctggaat ggtctggcaa aacagagaca tttactacca gggtcccatt 1260

tgggccaaga ttcctcatac cgatggacac tttcacccct caccgctgat tggtgggttt 1320

gggctgaaac acccgcctcc tcaaatttttt atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1380

gcaacgacct tcagctctac tccggtaaac tccttcatta ctcagtacag cactggccag 1440

gtgtcggtgc agattgactg ggagatccag aaggagcggt ccaaacgctg gaaccccgag 1500

gtccagttta cctccaacta cggacagcaa aactctctgt tgtgggctcc cgatgcggct 1560

gggaaataca ctgagcctag ggctatcggt acccgctacc tcacccacca cctgtaa 1617

<210> 416

<211> 939

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 416

atggagctgg tcgggtggct ggtggaccgc gggatcacgt cagaaaagca atggatccag 60

gaggaccagg cgtcctacat ctccttcaac gccgcctcca actcgcggtc acaaatcaag 120

gccgcgctgg acaatgcctc caaaatcatg agcctgacaa agacggctcc ggactacctg 180

gtgggccaga acccgccgga ggacatttcc agcaaccgca tctaccgaat cctcgagatg 240

aacgggtacg atccgcagta cgcggcctcc gtcttcctgg gctgggcgca aaagaagttc 300

gggaagagga acaccatctg gctctttggg ccggccacga cgggtaaaac caacatcgcg 360

gaagccatcg cccacgccgt gcccttctac ggctgcgtga actggaccaa tgagaacttt 420

ccgttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc 480

aaggtcgtag agagcgccaa ggccatcctg ggcggaagca aggtgcgcgt ggaccaaaag 540

tgcaagtcat cggcccagat cgacccaact cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 600

tgcgcggtca tcgacggaaa ctcgaccacc ttcgagcacc aacaaccact ccaggaccgg 660

atgttcaagt tcgagctcac caagcgcctg gagcacgact ttggcaaggt caccaagcag 720

gaagtcaaag actttttccg gtgggcgtca gatcacgtga ccgaggtgac tcacgagttt 780

tacgtcagaa agggtggagc tagaaagagg cccgccccca atgacgcaga tataagtgag 840

cccaagcggg cctgtccgtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agctccggtg 900

gactacgcgg acagattggc tagaggacaa cctctctga 939

<210> 417

<211> 1197

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 417

atggagctgg tcgggtggct ggtggaccgc gggatcacgt cagaaaagca atggatccag 60

gaggaccagg cgtcctacat ctccttcaac gccgcctcca actcgcggtc acaaatcaag 120

gccgcgctgg acaatgcctc caaaatcatg agcctgacaa agacggctcc ggactacctg 180

gtgggccaga acccgccgga ggacatttcc agcaaccgca tctaccgaat cctcgagatg 240

aacgggtacg atccgcagta cgcggcctcc gtcttcctgg gctgggcgca aaagaagttc 300

gggaagagga acaccatctg gctctttggg ccggccacga cgggtaaaac caacatcgcg 360

gaagccatcg cccacgccgt gcccttctac ggctgcgtga actggaccaa tgagaacttt 420

ccgttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc 480

aaggtcgtag agagcgccaa ggccatcctg ggcggaagca aggtgcgcgt ggaccaaaag 540

tgcaagtcat cggcccagat cgacccaact cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 600

tgcgcggtca tcgacggaaa ctcgaccacc ttcgagcacc aacaaccact ccaggaccgg 660

atgttcaagt tcgagctcac caagcgcctg gagcacgact ttggcaaggt caccaagcag 720

gaagtcaaag actttttccg gtgggcgtca gatcacgtga ccgaggtgac tcacgagttt 780

tacgtcagaa agggtggagc tagaaagagg cccgccccca atgacgcaga tataagtgag 840

cccaagcggg cctgtccgtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agctccggtg 900

gactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggtatgaa tctgatgctt 960

tttccctgcc ggcaatgcga gagaatgaat cagaatgtgg acatttgctt cacgcacggg 1020

gtcatggact gtgccgagtg cttccccgtg tcagaatctc aacccgtgtc tgtcgtcaga 1080

aagcggacgt atcagaaact gtgtccgatt catcacatca tggggagggc gcccgaggtg 1140

gcctgctcgg cctgcgaact ggccaatgtg gacttggatg actgtgacat ggaacaa 1197

<210> 418

<211> 245

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 418

ctccatcatc taggtttgcc cactgacgtc aatgtgacgt cctagggtta gggaggtccc 60

tgtattagca gtcacgtgag tgtcgtattt cgcggagcgt agcggagcgc ataccaagct 120

gccacgtcac agccacgtgg tccgtttgcg acagtttgcg acaccatgtg gtcaggaggg 180

tatataaccg cgagtgagcc agcgaggagc tccattttgc ccgcgaattt tgaacgagca 240

gcagc 245

<210> 419

<211> 313

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> MOD_RES

<222> (313)..(313)

<223> Any amino acid

<400> 419

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
1 5 10 15

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
20 25 30

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys
35 40 45

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

Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met
65 70 75 80

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
85 90 95

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
100 105 110

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
115 120 125

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
130 135 140

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
145 150 155 160

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
165 170 175

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val

180 185 190

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

195 200 205

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe

210 215 220

Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

225 230 235 240

Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val

245 250 255

Thr His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Arg Lys Arg Pro Ala

260 265 270

Pro Asn Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val

275 280 285

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

290 295 300

Arg Leu Ala Arg Gly Gln Pro Leu Xaa

305 310

<210> 420

<211> 399

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 420

Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys

1 5 10 15

Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala

20 25 30

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

35 40 45

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

50 55 60

Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met

65 70 75 80

Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
85 90 95
Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala

100 105 110
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
115 120 125
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
130 135 140
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
145 150 155 160
Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg

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

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

290 295 300
Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
305 310 315 320
Phe Pro Cys Arg Gln Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Val Asp Ile Cys

325 330 335

Phe Thr His Gly Val Met Asp Cys Ala Glu Cys Phe Pro Val Ser Glu

340 345 350

Ser Gln Pro Val Ser Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Gln Lys Leu Cys

355 360 365

Pro Ile His His Ile Met Gly Arg Ala Pro Glu Val Ala Cys Ser Ala

370 375 380

Cys Glu Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Asp Met Glu Gln

385 390 395

<210> 421

<211> 623

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 421

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

1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Ser Trp Val Ala Glu

20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile

35 40 45

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

50 55 60

Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val

65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Asp Ser Tyr Phe His Leu His Ile Leu Val Glu

85 90 95

Thr Val Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile

100 105 110

Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu

115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly

130 135 140

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

Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255
Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys
260 265 270

Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Asn
275 280 285
Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met
290 295 300
Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320
Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400

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

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

Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
530 535 540
Phe Pro Cys Arg Gln Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Val Asp Ile Cys
545 550 555 560
Phe Thr His Gly Val Met Asp Cys Ala Glu Cys Phe Pro Val Ser Glu
565 570 575
Ser Gln Pro Val Ser Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Gln Lys Leu Cys
580 585 590

Pro Ile His His Ile Met Gly Arg Ala Pro Glu Val Ala Cys Ser Ala
595 600 605
Cys Glu Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Asp Met Glu Gln
610 615 620
<210> 422

<211> 537

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> MOD_RES

<222> (537)..(537)

<223> Any amino acid

<400> 422

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

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Ser Trp Val Ala Glu
20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile
35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Glu Phe Leu
50 55 60

Val Glu Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80

Gln Phe Glu Lys Gly Asp Ser Tyr Phe His Leu His Ile Leu Val Glu
85 90 95

Thr Val Gly Val Lys Ser Met Val Val Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile
100 105 110

Lys Glu Lys Leu Val Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Gln Leu
115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140

Asn Lys Val Val Asp Asp Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160

Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Asp Gln Tyr Ile
165 170 175

Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Gln Asn

195 200 205

Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255
Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys
260 265 270

Ile Met Ser Leu Thr Lys Thr Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Gln Asn
275 280 285
Pro Pro Glu Asp Ile Ser Ser Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Met
290 295 300
Asn Gly Tyr Asp Pro Gln Tyr Ala Ala Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320
Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335

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

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445

Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460

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

Arg Leu Ala Arg Gly Gln Pro Leu Xaa
530 535

<210> 423
<211> 623
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 4
<400> 423
Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Leu Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1 5 10 15
Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Ser Trp Val Ala Glu
20 25 30
Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile
35 40 45

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

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

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

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

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

355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380
Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445
Glu Leu Thr Lys Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Asp Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480
Thr His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Arg Lys Arg Pro Ala
485 490 495

Pro Asn Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510
Ala Gln Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Ala Pro Val Asp Tyr Ala Asp
515 520 525
Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Val Gly Met Asn Leu Met Leu
530 535 540
Phe Pro Cys Arg Gln Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Val Asp Ile Cys
545 550 555 560

Phe Thr His Gly Val Met Asp Cys Ala Glu Cys Phe Pro Val Ser Glu
565 570 575
Ser Gln Pro Val Ser Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Gln Lys Leu Cys
580 585 590
Pro Ile His His Ile Met Gly Arg Ala Pro Glu Val Ala Cys Ser Ala
595 600 605

Cys Glu Leu Ala Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Asp Met Glu Gln
610 615 620

<210> 424
<211> 544
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 4
<400> 424

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

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

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

180 185 190

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

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

305 310 315 320
Asp Gly Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala
325 330 335
Gly Pro Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly
340 345 350
Pro Lys Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe
355 360 365
Thr Ser Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met

370 375 380
Trp Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr
385 390 395 400
Val Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln
405 410 415
Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
420 425 430
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln

485 490 495

Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn

500 505 510

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

515 520 525

Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

530 535 540

<210> 425

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 425

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu

1 5 10 15

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

20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln

65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

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

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn

370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly

385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser

405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile

420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu

435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn

450 455 460

Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln

465 470 475 480

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

485 490 495

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

500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro

515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys

530 535 540

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

545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

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

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685
Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700
Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730

<210> 426
<211> 598
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 4
<400> 426
Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro
1 5 10 15
Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys
20 25 30
Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu

35 40 45
Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala
50 55 60
Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly
65 70 75 80
Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His

85 90 95

Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn

100 105 110

His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn

115 120 125

Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys

130 135 140

His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly

145 150 155 160

Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys

165 170 175

Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr

180 185 190

Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val

195 200 205

Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val

210 215 220

Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr

225 230 235 240

Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

245 250 255

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser

260 265 270

Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

275 280 285

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln

290 295 300

Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn

305 310 315 320

Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp

325 330 335

Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn
340 345 350
Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr

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

420 425 430
Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser
435 440 445
Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val
450 455 460
Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile
465 470 475 480
Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu

485 490 495
Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys
500 505 510
Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro
515 520 525
Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln
530 535 540
Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu

545 550 555 560
Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala
565 570 575
Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg

580 585 590

Tyr Leu Thr His His Leu

595

<210> 427

<211> 129

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 427

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctca ctcactcggc cctgcggcca gaggccggca 60

gtctggagac ctttggtgtc cagggcaggg ccgagtgagt gagcgagcgc gcatagaggg 120

agtggccaa 129

<210> 428

<211> 125

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<400> 428

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctca ctcactcggc cctggagacc aaaggtctcc 60

agactgccgg cctctggccg gcagggccga gtgagtgagc gagcgcgcat agagggagtg 120

gccaa 125

<210> 429

<211> 4768

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 4

<220><221> modified_base

<222> (3009)..(3009)

<223> a, c, t or g

<400> 429

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctca ctcactcggc cctggagacc aaaggtctcc 60

agactgccgg cctctggccg gcagggccga gtgagtgagc gagcgcgcat agagggagtg 120

gccaactcca tcatctaggt ttgcccactg acgtcaatgt gacgtcctag ggttagggag 180

gtccctgtat tagcagtcac gtgagtgtcg tatttcgcgg agcgtagcgg agcgcatacc 240

aagctgccac gtcacagcca cgtggtccgt ttgcgacagt ttgcgacacc atgtggtcag 300

gagggtatat aaccgcgagt gagccagcga ggagctccat tttgcccgcg aattttgaac 360

gagcagcagc catgccgggg ttctacgaga tcgtgctgaa ggtgcccagc gacctggacg 420
agcacctgcc cggcatttct gactcttttg tgagctgggt ggccgagaag gaatgggagc 480
tgccgccgga ttctgacatg gacttgaatc tgattgagca ggcacccctg accgtggccg 540
aaaagctgca acgcgagttc ctggtcgagt ggcgccgcgt gagtaaggcc ccggaggccc 600
tcttctttgt ccagttcgag aaggggggaca gctacttcca cctgcacatc ctggtggaga 660
ccgtgggcgt caaatccatg gtggtgggcc gctacgtgag ccagattaaa gagaagctgg 720
tgacccgcat ctaccgcggg gtcgagccgc agcttccgaa ctggttcgcg gtgaccaaga 780

cgcgtaatgg cgccggaggc gggaacaagg tggtggacga ctgctacatc cccaactacc 840
tgctccccaa gacccagccc gagctccagt gggcgtggac taacatggac cagtatataa 900
gcgcctgttt gaatctcgcg gagcgtaaac ggctggtggc gcagcatctg acgcacgtgt 960
cgcagacgca ggagcagaac aaggaaaacc agaaccccaa ttctgacgcg ccggtcatca 1020
ggtcaaaaac ctccgccagg tacatggagc tggtcgggtg gctggtggac cgcgggatca 1080
cgtcagaaaa gcaatggatc caggaggacc aggcgtccta catctccttc aacgccgcct 1140
ccaactcgcg gtcacaaatc aaggccgcgc tggacaatgc ctccaaaatc atgagcctga 1200

caaagacggc tccggactac ctggtgggcc agaacccgcc ggaggacatt tccagcaacc 1260
gcatctaccg aatcctcgag atgaacgggt acgatccgca gtacgcggcc tccgtcttcc 1320
tgggctgggc gcaaaagaag ttcgggaaga ggaacaccat ctggctcttt gggccggcca 1380
cgacgggtaa aaccaacatc gcggaagcca tcgcccacgc cgtgcccttc tacggctgcg 1440
tgaactggac caatgagaac tttccgttca acgattgcgt cgacaagatg gtgatctggt 1500
gggaggaggg caagatgacg gccaaggtcg tagagagcgc caaggccatc ctgggcggaa 1560
gcaaggtgcg cgtggaccaa aagtgcaagt catcggccca gatcgaccca actcccgtga 1620

tcgtcacctc caacaccaac atgtgcgcgg tcatcgacgg aaactcgacc accttcgagc 1680
accaacaacc actccaggac cggatgttca agttcgagct caccaagcgc ctggagcacg 1740
actttggcaa ggtcaccaag caggaagtca aagacttttt ccggtgggcg tcagatcacg 1800
tgaccgaggt gactcacgag ttttacgtca gaaagggtgg agctagaaag aggcccgccc 1860
ccaatgacgc agatataagt gagcccaagc gggcctgtcc gtcagttgcg cagccatcga 1920
cgtcagacgc ggaagctccg gtggactacg cggacaggta ccaaaacaaa tgttctcgtc 1980
acgtgggtat gaatctgatg ctttttccct gccggcaatg cgagagaatg aatcagaatg 2040

tggacatttg cttcacgcac ggggtcatgg actgtgccga gtgcttcccc gtgtcagaat 2100

ctcaacccgt gtctgtcgtc agaaagcgga cgtatcagaa actgtgtccg attcatcaca 2160

tcatggggag ggcgcccgag gtggcctgct cggcctgcga actggccaat gtggacttgg 2220

atgactgtga catggaacaa taaatgactc aaaccagata tgactgacgg ttaccttcca 2280

gattggctag aggacaacct ctctgaaggc gttcgagagt ggtgggcgct gcaacctgga 2340

gcccctaaac ccaaggcaaa tcaacaacat caggacaacg ctcggggtct tgtgcttccg 2400

ggttacaaat acctcggacc cggcaacgga ctcgacaagg gggaacccgt caacgcagcg 2460

gacgcggcag ccctcgagca cgacaaggcc tacgaccagc agctcaaggc cggtgacaac 2520

ccctacctca agtacaacca cgccgacgcg gagttccagc agcggcttca gggcgacaca 2580

ccgtttgggg gcaacctcgg cagagcagtc ttccaggcca aaaagagggt tcttgaacct 2640

cttggtctgg ttgagcaagc gggtgagacg gctcctggaa agaagagacc gttgattgaa 2700

tccccccagc agcccgactc ctccacgggt atcggcaaaa aaggcaagca gccggctaaa 2760

aagaagctcg ttttcgaaga cgaaactgga gcaggcgacg gacccccctga gggatcaact 2820

tccggagcca tgtctgatga cagtgagatg cgtgcagcag ctggcggagc tgcagtcgag 2880

ggsggacaag gtgccgatgg agtgggtaat gcctcgggtg attggcattg cgattccacc 2940

tggtctgagg gccacgtcac gaccaccagc accagaacct gggtcttgcc cacctacaac 3000

aaccacctnt acaagcgact cggagagagc ctgcagtcca acacctacaa cggattctcc 3060

acccccctggg gatactttga cttcaaccgc ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 3120

cagcgactca tcaacaacaa ctggggcatg cgacccaaag ccatgcgggt caaaatcttc 3180

aacatccagg tcaaggaggt cacgacgtcg aacggcgaga caacggtggc taataacctt 3240

accagcacgg ttcagatctt tgcggactcg tcgtacgaac tgccgtacgt gatggatgcg 3300

ggtcaagagg gcagcctgcc tccttttccc aacgacgtct ttatggtgcc ccagtacggc 3360

tactgtggac tggtgaccgg caacacttcg cagcaacaga ctgacagaaa tgccttctac 3420

tgcctggagt actttccttc gcagatgctg cggactggca acaactttga aattacgtac 3480

agttttgaga aggtgccttt ccactcgatg tacgcgcaca gccagagcct ggaccggctg 3540

atgaaccctc tcatcgacca gtacctgtgg ggactgcaat cgaccaccac cggaaccacc 3600

ctgaatgccg ggactgccac caccaacttt accaagctgc ggcctaccaa cttttccaac 3660

tttaaaaaga actggctgcc cgggccttca atcaagcagc agggcttctc aaagactgcc 3720

aatcaaaact acaagatccc tgccaccggg tcagacagtc tcatcaaata cgagacgcac 3780

agcactctgg acggaagatg gagtgccctg acccccggac ctccaatggc cacggctgga 3840

cctgcggaca gcaagttcag caacagccag ctcatctttg cggggcctaa acagaacggc 3900

aacacggcca ccgtacccgg gactctgatc ttcacctctg aggaggagct ggcagccacc 3960

aacgccaccg atacggacat gtggggcaac ctacctggcg gtgaccagag caacagcaac 4020

ctgccgaccg tggacagact gacagccttg ggagccgtgc ctggaatggt ctggcaaaac 4080

agagacattt actaccaggg tcccatttgg gccaagattc ctcataccga tggacacttt 4140

caccctcac cgctgattgg tgggtttggg ctgaaacacc cgcctcctca aatttttatc 4200

aagaacaccc cggtacctgc gaatcctgca acgaccttca gctctactcc ggtaaactcc 4260

ttcattactc agtacagcac tggccaggtg tcggtgcaga ttgactggga gatccagaag 4320

gagcggtcca aacgctggaa ccccgaggtc cagtttacct ccaactacgg acagcaaaac 4380

tctctgttgt gggctcccga tgcggctggg aaatacactg agcctagggc tatcggtacc 4440

cgctacctca cccaccacct gtaataacct gttaatcaat aaaccggttt attcgtttca 4500

gttgaacttt ggtctccgtg tccttcttat cttatctcgt ttccatggct actgcgtaca 4560

taagcagcgg cctgcggcgc ttgcgcttcg cggtttacaa ctgccggtta atcagtaact 4620

tctggcaaac catgatgatg gagttggcca ctccctctat gcgcgctcgc tcactcactc 4680

ggccctggag accaaaggtc tccagactgc cggcctctgg ccggcagggc cgagtgagtg 4740

agcgagcgcg catagaggga gtggccaa 4768

<210> 430

<211> 3098

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 430

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gctgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgacc gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gacaagcagc tcgagcaggg ggacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagacccat agaatccccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320

cagcagcccg ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgccc 1380

gacccccaac ctctcggaga acctcccgcc gcgccctcag gtctgggatc tggtacaatg 1440

gctgcaggcg gtggcgcacc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg agtgggtaat 1500

gcctccggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat caccaccagc 1560

acccgcacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcagat atcaagtcag 1620

agcggggcta ccaacgacaa ccacttcttc ggctacagca ccccctgggg ctattttgac 1680

ttcaacagat tccactgcca cttctcacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 1740

tggggattcc ggcccagaaa gctgcggttc aagttgttca acatccaggt caaggaggtc 1800

acgacgaacg acggcgttac gaccatcgct aataacctta ccagcacgat tcaggtcttc 1860

tcggactcgg agtaccaact gccgtacgtc ctcggctctg cgcaccaggg ctgcctccct 1920

ccgttccctg cggacgtgtt catgattcct cagtacggat atctgactct aaacaacggc 1980

agtcagtctg tgggacgttc ctccttctac tgcctggagt actttccttc tcagatgctg 2040

agaacgggca ataactttga attcagctac acctttgagg aagtgccttt ccacagcagc 2100

tatgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaatcccc tcatcgacca gtacctgtac 2160

tacctggccc ggacccagag cactacgggg tccacaaggg agctgcagtt ccatcaggct 2220

gggcccaaca ccatggccga gcaatcaaag aactggctgc ccggaccctg ttatcggcag 2280

cagagactgt caaaaaacat agacagcaac aacaacagta actttgcctg gaccggggcc 2340

actaaatacc atctgaatgg tagaaattca ttaaccaacc cgggcgtagc catggccacc 2400

aacaaggacg acgaggacca gttctttccc atcaacggag tgctggtttt tggcgaaacg 2460

ggggctgcca acaagacaac gctggaaaac gtgctaatga ccagcgagga ggagatcaaa 2520

accaccaatc ccgtggctac agaagaatac ggtgtggtct ccagcaacct gcaatcgtct 2580

acggccggac cccagacaca gactgtcaac agccaggggg ctctgcccgg catggtctgg 2640

cagaaccggg acgtgtacct gcagggtccc atctgggcca aaattcctca cacggacggc 2700

aactttcacc cgtctcccct gatgggcgga tttggactca aacacccgcc tcctcaaatt 2760

ctcatcaaaa acaccccggt acctgctaat cctccagagg tgtttactcc tgccaagttt 2820

gcctcattta tcacgcagta cagcaccggc caggtcagcg tggagatcga gtgggaactg 2880

cagaaagaaa acagcaaacg ctggaatcca gagattcagt acacctcaaa ttatgccaag 2940

tctaataatg tggaatttgc tgtcaacaac gaaggggttt atactgagcc tcgccccatt 3000

ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa ttgcctgtta atcaataaac cggttaattc 3060

gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg gcgaattc 3098

<210> 431

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 431

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

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

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

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

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

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

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

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

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

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 432
<211> 2495
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 432
gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact agaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattcatcat ctgctggggc gggctcccga gattgcttgc tcggcctgcg 180
atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca ataaatgact taaaccaggt 240
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 300
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 360
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 420
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 480
aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 540

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 600
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 660
ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaaaggccag 720
cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 780

cctcaaccaa tcggagaacc ccccgcaggc ccctctggtc tgggatctgg tacaatggct 840

gcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 900

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 960

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 1020

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 1080

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1140

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 1200

acgaacgacg gcgttacgac catcgctaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1260

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1320

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1380

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1440

acgggcaata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1500

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1560

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1620

cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1680

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac accagtaact ttgcctggac cggggccact 1740

aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1800

aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1860

gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1920

accaatcccg tggctacaga acagtacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1980

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc caggggggctc tgcccggcat ggtctggcag 2040

aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 2100

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 2160

atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 2220

tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2280

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2340

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2400

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg ttaattcgtt 2460

tcagttgaac tttggtctct gcgaagggcg aattc 2495

<210> 433

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 433

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Thr Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 434

<211> 2504

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 434

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattcatcat ctgctggggc gggctcccga gattgcttgc tcggcctgcg 180

atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca ataaatgact taaaccaggt 240

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 300

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 360

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 420

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 480

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 540

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 600

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 660

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaaaggccag 720

cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 780

cctcaaccaa tcggagaacc ccccgcaggc ccctctggtc tgggatctgg tacaatggct 840

gcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 900

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 960

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 1020

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 1080

aacagattcc actgccactt ctcatcacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1140

ggattccggc ccaagagact caacttcaag ctcttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 1200

cagaatgaag gcaccaagac catcgccaat aaccttacca gcacgattca ggtctttacg 1260

gactcggaat accggctccc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctgcctccg 1320

ttcccggcgg acgtcttcat gattcctcag tacgggtacc tgactctgaa caacggcagt 1380

caggccgtgg gccgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca aatgctgaga 1440

acgggcaaca actttgagtt cagctaccag tttgaggacg tgccttttca cagcagctac 1500

gcgcacagcc aaagcctgga ccggctgatg aacccccctca tcgaccagta cctgtactac 1560
ctgtctcgga ctcagtccac gggaggtacc gcaggaactc agcagttgct attttctcag 1620
gccgggccta ataacatgtc ggctcaggcc aaaaactggc tacccgggcc ctgctaccgg 1680
cagcaacgcg tctccacgac actgtcgcaa aataacaaca gcaactttgc ttggaccggt 1740
gccaccaagt atcatctgaa tggcagagac tctctggtaa atcccggtgt cgctatggca 1800
acgcacaagg acgacgaaga gcgatttttt ccatccagcg gagtcttgat gtttgggaaa 1860
cagggagctg gaaaagacaa cgtggactat agcagcgtta tgctaaccag tgaggaagaa 1920

atcaaaacca ccaacccagt ggccacagaa cagtacggcg tggtggccga taacctgcaa 1980
cagcaaaacg ccgctcctat tgtaggggcc gtcaacagtc aaggagcctt acctggcatg 2040
gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag ggtcctatct gggccaagat tcctcacacg 2100
gacggcaact ttcatccttc gccgctgatg ggaggctttg gactgaaaca cccgcctcct 2160
cagatcctga ttaagaatac acctgttccc gcggatcctc caactacctt cagtcaagcc 2220
aagccggcgt cgttcatcac gcagtacagc accggacagg tcagcgtgga aattgaatgg 2280
gagctgcaga aagagaacag caagcgctgg aacccagaga ttcagtatac ttccaactac 2340

tacaaatcta caaatgtgga ctttgctgtc aatactgagg gtacttattc agagcctcgc 2400
cccattggca cccgttacct cacccgtaac ctgtaattgc ctgttaatca ataaaccggt 2460
taattcgttt cagttgaact ttggtctctg cgaagggcga attc 2504

<210> 435
<211> 731
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 435

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

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

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

Ser Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Arg Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly

435 440 445

Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn

450 455 460

Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu

500 505 510

Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg

515 520 525

Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly

530 535 540

Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu

545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala
565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn
580 585 590

Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr
595 600 605

Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe
610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
625 630 635 640

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr
645 650 655

Phe Ser Gln Ala Lys Pro Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
660 665 670

Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr
690 695 700

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg
705 710 715 720

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 436

<211> 3128

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 436

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctag ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380

tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040

tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100

gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160

ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220

actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280

tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340

aacagcaact ttgcttggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400

gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacgcac aaggacgacg aagagcgatt ttttccatcc 2460

agcggagtct tgatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520

gttatgctaa ccagtgagga agaaatcaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580

ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640

agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700

atctgggcca agattcctca cacggacggc aactttcatc cttcgccgct gatgggaggc 2760

tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820

cctccaacta ccttcagtca agccaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaga acagcaagcg ctggaaccca 2940

gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000

gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa 3060

ttgcctgtta atcaataaac cggctaattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120

gcgaattc 3128

<210> 437

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 437

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

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

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 438
<211> 3084
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 438
gaattcgccc tttctacggc tgcatcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagttcg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac caagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gcggagccag caaaagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

aaacgtgcga gaaaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg gtcagagact 660

gctcagaatg tttccccggt gcatcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aaaacgtatc 720

agaaactgtg tgccattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggacgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggcttgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca cctcagcgtt cccccgactc ctccacgggc 1320

atcggcaaga aaggccacca gcccgcgaga aagagactga actttgggca gactggcgac 1380

tcggagtcag tccccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaacca tctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc actaacgaca acacctactt tggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaataa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtgtt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt ccccggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctccc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tatctgaccc taaacaatgg cagtcaggct gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggaa 2040

tacttccctt ctcaaatgct gaggacgggc aacaactttg aattcagcta caccttcgag 2100

gacgtgcctt tccacagcag ctacgcgcac agccagagcc tggaccggct gatgaaccct 2160

ctcatcgacc agtacctgta ttacttatcc agaactcagt ccacaggagg aactcaaggt 2220

actcagcaat tgttattttc tcaagccggg cccgcaaaca tgtcggctca ggccaagaac 2280

tggctacctg gaccgtgtta ccgtcagcaa cgagtttcca cgacactgtc gcaaaacaac 2340

aacagcaatt ttgcttggac cggtgccacc aagtatcacc tgaatggcag agactccctg 2400

gttaatcccg gcgttgccat ggctacccac aaggacgacg aggagcgctt cttcccgtca 2460

agcggagttc taatgtttgg caagcagggg gctggaaaag acaatgtgga ctacagcagc 2520

gtgatgctca ccagcgaaga agaaattaaa actactaacc cagtggctac agagcagtat 2580

ggtgtggtgg cagacaacct gcagcagacc aacggagctc ccattgtggg aactgtcaac 2640

agccaggggg ccttacctgg tatggtctgg caaaaccggg acgtgtacct gcagggcccc 2700

atctgggcca aaattcctca cacggacggc aactttcatc cttcgccgct gatgggaggc 2760

tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctggtgaaaa acactcctgt tcctgcggat 2820

cctccgacca ccttcagcca ggccaagctg gcttctttta tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaatcga atgggagctg cagaaagaaa acagcaagcg ctggaaccca 2940

gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000

gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcactcgtt atctcacccg taatctgtaa 3060

ttgcttgtta atcaataaac cggt 3084

<210> 439

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 439

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

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

690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 440
<211> 3123
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 440
gaattcgccc ttggctgcgt caactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgattgcgtc 60

gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc aagatgacgg ccaaggtcgt ggagtccgcc 120

aaggccattc tcggcggcag caaggtgcgc gtggaccaaa agtgcaagtc gtccgcccag 180
atcgacccca cccccgtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg 240
aacagcacca ccttcgagca ccagcagccg ttgcaggacc ggatgttcaa gttcgaactc 300
acccgccgtc tggagcacga ctttggcaag gtgaccaagc aggaagtcaa agagttcttc 360
cgctgggcgc aggatcacgt gaccgaggtg gcgcatgagt tctacgtcag aaagggcgga 420
gccagcaaaa gacccgcccc cgatgacgcg gatataagcg agcccaagcg ggcctgcccc 480
tcagtcgcgg atccatcgac gtcagacgcg gaaggagctc cggtggactt tgccgacagg 540

taccaaaaca aatgttctcg tcacgcgggc atgctccaga tgctgtttcc ctgcaaaacg 600
tgcgagagaa tgaatcagaa tttcaacatt tgcttcacgc acggggtcag agactgctca 660
gaatgtttcc ccggtgcatc agaatctcaa ccggtcgtca gaaaaaaaac gtatcagaaa 720
ctgtgtgcca ttcatcatct gctggggcgg gcacccgaga ttgcttgctc ggcctgcgat 780
ctggtcaacg tggacctgga cgactgtgtt tctgagcaat aaatgactta aaccaggtat 840
ggctgccgat ggttatcttc cagattggct tgaggacaac ctctctgagg gcattcgcga 900
gtggtgggac ctgaaacctg gagccccgaa acccaaagcc aaccagcaaa agcaggacga 960

cggccggggt ctggtgcttc ctggctacaa gtacctcgga cccttcaacg gactcgacaa 1020
gggggagccc gtcaacgcgg cggacgcagc ggccctcgag cacgacaagg cctacgacca 1080
gcagctcaaa gcgggtgaca atccgtacct gcggtataac cacgccgacg ccgagtttca 1140
ggagcgtctg caagaagata cgtcttttgg gggcaacctc gggcgagcag tcttccaggc 1200
caagaagcgg gttctcgaac ctctcggtct ggttgaggaa ggcgctaaga cggctcctgg 1260
aaagaagaga ccggtagagc catcacctca gcgttccccc gactcctcca cgggcatcgg 1320
caagaaaggc caccagcccg cgagaaagag actgaacttt gggcagactg gcgactcgga 1380

gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 1440
tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg 1500
agtgggtagt tcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 1560
caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccatctct acaagcaaat 1620
ctccaacggg acatcgggag gaagcactaa cgacaacacc tactttggct acagcacccc 1680
ctgggggtat tttgacttca acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg 1740
actcatcaac aataactggg gattccggcc caagagactc aacttcaagc tcttcaacat 1800

ccaggtcaag gaggtcacgc agaatgaagg caccaagacc atcgccaata accttaccag 1860

cacgattcag gtgtttacgg actcggaata ccagctcccg tacgtcctcg gctctgcgca 1920

ccagggctgc ctccctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acgggtatct 1980

gaccctaaac aatggcagtc aggctgtggg ccgttcctcc ttctactgcc tggaatactt 2040

cccttctcaa atgctgagga cgggcaacaa ctttgaattc agctacacct tcgaggacgt 2100

gcctttccac agcagctacg cgcacagcca gagcctggac cggctgatga accctctcat 2160

cgaccagtac ctgtattact tatccagaac tcagtccaca ggaggaactc aaggtactca 2220

gcaattgtta ttttctcaag ccgggcccgc aaacatgtcg gctcaggcca agaactggct 2280

acctggaccg tgttaccgtc agcaacgagt ttccacgaca ctgtcgcaaa acaacaacag 2340

caattttgct tggaccggtg ccaccaagta tcacctgaat ggcagagact ccctggttaa 2400

tcccggcgtt gccatggcta cccacaagga cgacgaggag cgcttcttcc cgtcaagcgg 2460

agttctaatg tttggcaagc agggggctgg aaaagacaat gtggactaca gcagcgtgat 2520

gctcaccagc gaagaagaaa ttaaaactac taacccagtg gctacagagc agtatggtgt 2580

ggtggcagac aacctgcagc agaccaacgg agctcccatt gtgggaactg tcaacagcca 2640

gggggcctta cctggtatgg tctggcaaaa ccgggacgtg tacctgcagg gccccatctg 2700

ggccaaaatt cctcacacgg acggcaactt tcatccttcg ccgctgatgg gaggctttgg 2760

actgaaacac ccgcctcctc agatcctggt gaaaaacact cctgttcctg cggatcctcc 2820

gaccaccttc agccaggcca agctggcttc ttttatcacg cagtacagca ccggacaggt 2880

cagcgtggaa atcgaatggg agctgcagaa agaaaacagc aagcgctgga acccagagat 2940

tcagtatact tccaactact acaaatctac aaatgtggac tttgctgtca atactgaggg 3000

tacttattca gagcctcgcc ccattggcac tcgttatctc acccgtaatc tgtaattgct 3060

tgttaatcaa taaaccggtt aattcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa 3120

ttc 3123

<210> 441

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 441

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala

580 585 590

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

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 442

<211> 3122

<212

> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 442

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgtgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag cgccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac gaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttccac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaagcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataatcacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagactggt agagcagtcg ccacaagagc cagactcctc ctcgggcatc 1320

ggcaagacag gccagcagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 1380

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag cagccccctc aggtctggga 1440

cctaatacaa tggcttcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 1500

ggagtgggta attcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg ggacagagtc 1560

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 1620

atctccaacg gcacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctattttgg ctacagcacc 1680

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgtcact tttcaccacg tgactggcaa 1740

cgactcatca acaacaattg gggattccgg cccaaaagac tcaacttcaa gctgttcaac 1800

atccaggtca aggaagtcac gacgaacgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taatctcacc 1860

agcaccgtgc aggtctttac ggactcggag taccagttac cgtacgtgct aggatccgct 1920

caccagggat gtctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca cggttcctca gtacggctat 1980

ttaactttaa acaatggaag ccaagccctg ggacgttcct ccttctactg tctggagtat 2040

ttcccatcgc agatgctgag aaccggcaac aactttcagt tcagctacac cttcgaggac 2100

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg acaggctgat gaatcccctc 2160

atcgaccagt acctgtacta cctggtcaga acgcaaacga ctggaactgg agggacgcag 2220

actctggcat tcagccaagc gggtcctagc tcaatggcca accaggctag aaattgggtg 2280

cccggacctt gctaccggca gcagcgcgtc tccacgacaa ccaaccagaa caacaacagc 2340

aactttgcct ggacgggagc tgccaagttt aagctgaacg gccgagactc tctaatgaat 2400

ccgggcgtgg caatggcttc ccacaaggat gacgacgacc gcttcttccc ttcgagcggg 2460

gtcctgattt ttggcaagca aggagccggg aacgatggag tggattacag ccaagtgctg 2520

attacagatg aggaagaaat caaggctacc aaccccgtgg ccacagaaga atatggagca 2580

gtggccatca acaaccaggc cgccaatacg caggcgcaga ccggactcgt gcacaaccag 2640

ggggtgattc ccggcatggt gtggcagaat agagacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 2700

gccaaaattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc ccctgatggg cggctttgga 2760

ctgaagcacc cgcctcctca aattctcatc aagaacacac cggttccagc ggacccgccg 2820

cttaccttca accaggccaa gctgaactct ttcatcacgc agtacagcac cggacaggtc 2880

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa tccagagatt 2940

caatacactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgtcaa cacggaagga 3000

gtttatagcg agcctcgccc cattggcacc cgttacctca cccgcaacct gtaattacat 3060

gttaatcaat aaaccggtta attcgtttca gttgaacttt ggtctctgcg aagggcgaat 3120

tc 3122

<210> 443

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 443

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Leu Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Thr Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

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

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 444

<211> 3117

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 444

gaattcgccc ttggctgcgt caactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgattgcgtc 60

gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc aagatgacgg ccaaggtcgt ggagtccgcc 120

aaggccattc tcggcggcag caaggtgcgt gtggaccaaa agtgcaagtc ttccgcccag 180

atcgatccca cccccgtgat cgtcacctcc aacaccaaca tgtgcgccgt gattgacggg 240

aacagcacca ccttcgagca ccagcagccg ttgcaggacc ggatgttcaa atttgaactc 300

acccgccgtc tggagcatga ctttggcaag gtgacgaagc aggaagtcaa agagttcttc 360

cgctgggcgc aggatcacgt gaccgaggtg gcgcatgagt tccacgtcag aaagggtgga 420

gccaacaaga gacccgcccc cgatgacgcg gatataagcg agcccaagcg ggcctgcccc 480

tcagtcgcgg atccatcgac gtcagacgcg gaaggagctc cggtggactt tgccgacagg 540

taccaaaaca aatgttctcg tcacgcgggc atgcttcaga tgctgtttcc ctgcaagaca 600

tgcgagagaa tgaatcagaa tttcaacatt tgcttcacgc acgggaccag agactgttca 660

gaatgtttcc ccggcgtgtc agaatctcaa ccggtcgtca gaaagaggac gtatcggaaa 720

ctctgtgcga ttcatcatct gctggggcgg gctcccgaga ttgcttgctc ggcctgcgat 780

ctggtcaacg tggacctgga tgactgtgtt tctgagcaat aaatgactta aaccaggtat 840

ggctgccgat ggttatcttc cagattggct cgaggacaac ctctctgagg gcattcgcga 900

gtggtgggac ttgaaacctg gagccccgaa acccaaagcc aaccagcaaa agcaggacga 960

cggccggggt ctggtgcttc ctggctacaa gtacctcgga cccttcaacg gactcgacaa 1020

gggggagccc gtcaacgcgg cggacgcagc ggccctcgag cacgacaaag cctacgacca 1080

gcagctcaaa gcgggtgaca atccgtacct gcggtataat cacgccgacg ccgagtttca 1140

ggagcgtctg caagaagata cgtcttttgg gggcaacctc gggcgagcag tcttccaggc 1200

caagaagcgg gttctcgaac ctctcggtct ggttgaggaa ggcgctaaga cggctcctgg 1260

aaagaagaga ccggtagagc agtcgccaca agagccagac tcctcctcgg gcatcggcaa 1320

gacaggccag cagcccgcta aaaagagact caattttggt cagactggcg actcagagtc 1380

agtccccgac ccacaacctc tcggagaacc tccagcagcc ccctcaggtc tgggacctaa 1440

tacaatggct tcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt 1500

gggtaattcc tcgggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggggaca gagtcatcac 1560

caccagcacc cgaacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcaaatctc 1620

caacggcacc tcgggaggaa gcaccaacga caacacctat tttggctaca gcacccccctg 1680

ggggtatttt gacttcaaca gattccactg tcacttttca ccacgtgact ggcaacgact 1740

catcaacaac aattggggat tccggcccaa aagactcaac ttcaagctgt tcaacatcca 1800

ggtcaaggaa gtcacgacga acgaaggcac caagaccatc gccaataatc tcaccagcac 1860

cgtgcgggtc tttacggact cggagtacca gttaccgtac gtgctaggat ccgctcacca 1920

gggatgtctg cctccgttcc cggcggacgt cttcatggtt cctcagtacg gctatttaac 1980

tttaaacaat ggaagccaag ccctgggacg ttcctccttc tactgtctgg agtatttccc 2040

atcgcagatg ctgagaaccg gcaacaactt tcagttcagc tacaccttcg aggacgtgcc 2100

tttccacagc agctacgcgc acagccagag cctggacagg ctgatgaatc ccctcatcga 2160

ccagtacctg tactacctgg tcagaacgca aacgactgga actggaggga cgcagactct 2220

ggcattcagc caagcgggtc ctagctcaat ggccaaccag gctagaaatt gggtgcccgg 2280

accttgctac cggcagcagc gcgtctccac gacaaccaac cagagcaaca acagcaactt 2340

tgcctggacg ggagctgcca agtttaagct gaacggccga gactctctaa tgaatccggg 2400

cgtggcaatg gcttcccaca aggatgacga cgaccgcttc ttcccttcga gcggggtcct 2460

gatttttggc aagcaaggag ccgggaacga tggagtggat tacagccaag tgctgattac 2520

agatgaggaa gaaatcaagg ctaccaaccc cgtggccaca gaagaatatg gagcagtggc 2580

catcaacaac caggccgcca atacgcaggc gcagaccgga ctcgtgcaca accaggggggt 2640

gattcccggc atggtgtggc agaatagaga cgtgtacctg cagggtccca tctgggccaa 2700

aattcctcac acggacggca actttcaccc gtctcccctg atgggcggct ttggactgaa 2760

gcacccgcct cctcaaattc tcatcaagaa cacaccggtt ccagcggacc cgccgcttac 2820

cttcaaccag gccaagctga actctttcat cacgcagtac agcaccggac aggtcagcgt 2880

ggaaatcgag tgggagctgc agaaagaaaa cagcaaacgc tggaatccag agattcaata 2940

cacttccaac tactacaaat ctacaaatgt ggactttgct gtcaacacgg aaggagttta 3000

tagcgagcct cgccccattg gcacccgtta cctcacccgc aacctgtaat tacatgttaa 3060

tcaataaacc ggttaattcg tttcagttga actttggtct ctgcgaaggg cgaattc 3117

<210> 445

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 445

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

```
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
            260                 265                 270
```

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Arg Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Ser
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

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

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 446

<211> 3121

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 446

gaattcgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaacgattg 60

cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggcaagatg acggccaagg tcgtggagtc 120

cgccaaggcc attctcggcg gcagcaaggt gcgtgtggac caaaagtgca agtcttccgc 180

ccagatcgat cccacccccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 240

cgggaacagc accaccttcg agcaccagca gccgttgcag gaccggatgt tcaaatttga 300

actcacccgc cgtctggagc atgactttgg caaggtgacg aagcaggaag tcaaagagtt 360

cttccgctgg gcgcaggatc acgtgaccga ggtggcgcat gagttccacg tcagaaaggg 420

tggcgccaac aagagacccg cccccgatga cgcggatata agcgagccca agcgggcctg 480

cccctcagtc gcggatccat cgacgtcaga cgcggaagga gctccggtgg actttgccga 540

caggtaccaa aacaaatgtt ctcgtcacgc gggcatgctt cagatgctgt ttccctgcaa 600

gacatgcgag agaatgaatc agaatttcaa catttgcttc acgcacggga ccagagactg 660

ttcagaatgt ttccccggcg tgtcagaatc tcaaccggtc gtcagaaaga ggacgtatcg 720

gaaactctgt gcgattcatc atctgctggg gcgggctccc gagattgctt gctcggcctg 780

cgatctggtc aacgtggacc tggatgactg tgtttctgag caataaatga cttaaaccag 840

gtatggctgc cgatggttat cttccagatt ggctcgagga caacctctct gagggcattc 900

gcgagtggtg ggacttgaaa cctggagccc cgaaacccaa agccaaccag caaaagcagg 960

acgacggccg gggtctggtg cttcctggct acaagtacct cggacccttc aacggactcg 1020

acaaggggga gcccgtcaac gcggcggacg cagcggccct cgagcacgac aaagcctacg 1080

accagcagct caaagcgggt gacaatccgt acctgcggta taatcacgcc gacgccgagt 1140

ttcaggagcg tctgcaagaa gatacgtcct ttgggggcaa cctcgggcga gcagtcttcc 1200

aggccaagaa gcgggttctc gaacctctcg gtctggttga ggaaggcgct aagacggctc 1260

ctggaaagaa gagaccggta gagcagtcgc cacaagagcc agactcctcc tcgggcatcg 1320

gcaagacagg ccagcagccc gctaaaaaga gactcaattt tggtcagact ggcgactcag 1380

agtcagtccc cgacccacaa cctctcggag aacctccagc agccccctca ggtctgggac 1440

ctaatacaat ggcttcaggc ggtggcgctc caatggcaga caataacgaa ggcgccgacg 1500

gagtgggtaa ttcctcggga aattggcatt gcgattccac atggctgggg gacagagtca 1560

tcaccaccag cacccgaacc tgggccctgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcaaa 1620

tctccaacgg cacctcggga ggaagcacca acgacaacac ctattttggc tacagcaccc 1680

cctgggggta ttttgacttc aacagattcc actgtcactt ttcaccacgt gactggcaac 1740

gactcatcaa caacaattgg ggattccggc ccaaaagact caacttcaag ctgttcaaca 1800

tccaggtcaa ggaagtcacg acgaacgaag gcaccaagac catcgccaat aatctcacca 1860

gcaccgtgca ggtctttacg gacttggagt accagttacc gtacgtgcta ggatccgctc 1920
accagggatg tctgcctccg ttcccggcgg acgtcttcat ggttcctcag tacggctatt 1980
taactttaaa caatggaagc caagccctgg gacgttcctc cttctactgt ctggagtatt 2040
tcccatcgca gatgccgaga accggcaaca actttcagtt cagctacacc ttcgaggacg 2100
tgcctttcca cagcagctac gcgcacagcc agagcctgga caggctgatg aatcccctca 2160
tcgaccagta cctgtactac ctggtcagaa cgcaaacgac tggaactgga gggacgcaga 2220
ctctggcatt cagccaagcg ggtcctagct caatggccaa ccaggctaga aattgggtgc 2280

ccggaccttg ctaccggcag cagcgcgtct ccacgacaac caaccagaac aacaacagca 2340
actttgcctg gacgggagct gccaagttta agctgaacgg ccgagactct ctaatgaatc 2400
cgggcgtggc aatggcttcc cacaaggatg acgacgaccg cttcttccct tcgagcgggg 2460
tcctgatttt tggcaagcaa ggagccggga acgatggagt ggattacagc caagtgctga 2520
ttacagatga ggaagaaatc aaggctacca accccgtggc cacagaagaa tatggagcag 2580
tggccatcaa caaccaggcc gccaatacgc aggcgcagac cggactcgtg cacaaccagg 2640
gggtgattcc cggcatggtg tggcagaata gagacgtgta cctgcagggt cccatctggg 2700

ccaaaattcc tcacacggac ggcaactttc acccgtctcc cctgatgggc ggctttggac 2760
tgaagcaccc gcctcctcaa attctcatca agaacacacc ggttccagcg gacccgccgc 2820
ttaccttcaa ccaggccaag ctgaactctt tcatcacgca gtacagcacc ggacaggtca 2880
gcgtggaaat cgagtgggag ctgcagaaag aaaacagcaa acgctggaat ccagagattc 2940
aatacacttc caactactac aaatctacaa atgtggactt tgctgtcaac acggaaggag 3000
tttatagcga gcctcgcccc attggcaccc gttacctcac ccgcaacctg taattacatg 3060
ttaatcaata aaccggttaa ttcgtttcag ttgaactttg gtctctgcga agggcgaatt 3120

c 3121

<210> 447

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 447

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

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

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Pro Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

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

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 448

<211> 3122

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 448

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgtgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac gaagcaggaa gtcaaagggt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttccac gtgcgagccc 420

aagcgggcct gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag accagaaagg gtggagccaa 480

caagagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaagcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataatcacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagcagtcg ccacaagagc cagactcctc ctcgggcatc 1320

ggcaagacag gccagcagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 1380

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag cagccccctc aggtctggga 1440

cctaatacaa tggcttcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 1500

ggagtgggta attcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg ggacagagtc 1560

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 1620

atctccaacg gcacctcggg aggaagcacc aacgacaaca cctattttgg ctacagcacc 1680

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgtcact tttcaccacg tgactggcaa 1740

cgactcatca acaacaattg gggattccgg cccaaaagac tcaacttcaa gctgttcaac 1800

atccaggtca aggaagtcac gacgaacgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taatctcacc 1860

agcaccgtgc aggtctttac ggactcggag taccagttac cgtacgtgct aggatccgct 1920

caccagggat gtctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tggttcctca gtacggctat 1980

ttaactttaa acaatggaag ccaagccctg ggacgttcct ccttctactg tctggagtat 2040

ttcccatcgc agatgctgag aaccggcaac aactttcagt tcagctacac cttcgaggac 2100

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagcctgg acaggctgat gaatcccctc 2160

atcgaccagt acctgtacta cctggtcaga acgcaaacga ctggaactgg agggacgcag 2220

actctggcat tcagccaagc gggtcctagc tcaatggcca accaggctag aaattgggtg 2280

cccggacctt gctaccggca gcagcgcgtc tccacgacaa ccaaccagaa caacaacagc 2340

aactttgcct ggacgggagc tgccaagttt aagctgaacg gccgagactc tctaatgaat 2400

ccgggcgtgg caatggcttc ccacaaggat gacgacgacc gcttcttccc ttcgagcggg 2460

gtcctgattt ttggcaagca aggagccggg aacgatggag tggattacag ccaagtgctg 2520

attacagatg aggaagaaat caaggctacc aaccccgtgg ccacagaaga atatggagca 2580

gtggccatca acaaccaggc cgccaatacg caggcgcaga ccggactcgt gcacaaccag 2640

ggggtgattc ccggcatggt gtggcagaat agagacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 2700

gccaaaattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc ccctgatggg cggctttgga 2760

ctgaagcacc cgcctcctca aattctcatc aagaacacac cggttccagc ggacccgccg 2820

cttaccttca accaggccaa gctgaactct ttcatcacgc agtacagcac cggacaggtc 2880

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa tccagagatt 2940

caatacactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgtcaa cacggagggg 3000

gtttatagcg agcctcgccc cattggcacc cgttacctca cccgcaacct gtaattacat 3060

gttaatcaat aaaccggtta attcgtttca gttgaacttt ggtctctgcg aagggcgaat 3120

tc 3122

<210> 449

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 449

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

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

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

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

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

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

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

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 450

<211> 2370

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 450

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagttcg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac caagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gcggagccag caaaagaccc gcccccgatg acgcggatat aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagacgctg tttccctgca 600

aaacgtgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg gtcagagact 660

gctcagaatg tttccccggt gcatcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aaaacgtatc 720

agaaactgtg tgccattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggacgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggcttgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca cctcagcgtt cccccgactc ctccacgggc 1320

atcggcaaga aaggccacca gcccgcgaga aagagactga actttgggca gactggcgac 1380

tcggagtcag tccccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaacca tctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc actaacgaca acacctactt tggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaataa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtgtt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctccc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tatctgaccc taaacaatgg cagtcaggct gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggaa 2040

tacttccctt ctcaaatgct gaggacgggc aacaactttg aattcagcta caccttcgag 2100

gacgtgcctt tccacagcag ctacgcgcac agccagagcc tggaccggct gatgaaccct 2160

ctcatcgacc agtacctgta ttacttatcc agaactcagt ccacaggagg aactcaaggt 2220

actcagcaat tgttattttc tcaagccggg cccgcaaaca tgtyggctca ggccaagaac 2280

tggctacctg gaccgtgtta ccgtcagcaa cgagtttcca cgacactgtc gcaaaacaac 2340

aacagcaatt ttgctggacc ggtgccacca 2370

<210> 451

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 451

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 452
<211> 2205
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 452
atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60
tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180
ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240
cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300
cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360
aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420
aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480
aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc aacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 453

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 453

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu

245 250 255

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

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn

370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly

385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser

405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile

420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu

435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn

450 455 460

Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln

465 470 475 480

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

485 490 495

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

500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro

515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys

530 535 540

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

545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

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

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

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

610 615 620

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

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

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

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

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

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 454

<211> 3128

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 454

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatgttgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaaag tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagccgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgcg ggaccggatg ttcaagtttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcagagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca cgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

aaacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aagacgtatc 720

ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctagatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga aaggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380

tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacttc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tacctgactc tgaacaatgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040

tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100

gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160

ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220

actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280

tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340

aacagcaact gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacccac aaggacgacg aagagcgatt 2400

ttgcctggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg ttttccgtcc 2460

agcggagtct taatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520

gttatgctaa ccagtgagga agaaattaaa accaccaacc cagtggccac ggaacagtac 2580

ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640

agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700

atctgggcca agattcctca cacggacgga aactttcatc cctcgccgct gatgggaggc 2760

tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820

cctccaacta ccttcagtca agctaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaaa acagcaaacg ctggaaccca 2940

gagattcaat acacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggacttcgc tgttaacaca 3000

gatggcactt attctgagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taatctgtaa 3060

ttgctcgtta atcaataaac cggttgattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120

gcgaattc 3128

<210> 455

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 455

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

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

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

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

420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

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

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

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

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 456

<211> 3128

<212

> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 456

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaaag tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagtttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcagagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca cgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

aaacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt tgtcagaaaa aagacgtatc 720

ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctagatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga aaggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380

tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacttc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gacccaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tacctgactc tgaacaatgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040

tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100

gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160

ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220

actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280

tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340

aacagcaact ttgcctggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400

gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacccac aaggacgacg aagagcgatt ttttccgtcc 2460

agcggagtct taatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520

gttatgctaa ccagtgagga agaaattaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580

ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640

agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700

atctgggcca agattcctca cacggacgga aactttcatc cctcgccgct gatgggaggc 2760

tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820

cctccaacta ccttcagtca agctaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaaa acagcaaacg ctggaaccca 2940

gagattcaat acacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgttaacaca 3000

gatggcactt attctgagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taatctgtaa 3060

ttgcttgtta atcaataaac cggttgattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120

gcgaattc 3128

<210> 457

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 457

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Pro Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

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

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp

705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 458

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 458

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

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

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 459

<211> 2172

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

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

<400> 459

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tt 2172

<210> 460

<211> 720

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 460

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

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

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

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

<210> 461
<211> 724
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 5
<400> 461
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

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

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

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

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 462

<211> 2175

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 5

<400> 462

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 463

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 6

<400> 463

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctg 2208

<210> 464

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 6

<400> 464

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

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

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

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

420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

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

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

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

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 465

<211> 623

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 6

<400> 465

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

1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu

20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Ala Pro Leu Thr Val Ala Glu Lys Leu Gln Arg Asp Phe Leu
50 55 60

Val Gln Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80
Gln Phe Glu Lys Gly Glu Ser Tyr Phe His Leu His Ile Leu Val Glu
85 90 95
Thr Thr Gly Val Lys Ser Met Val Leu Gly Arg Phe Leu Ser Gln Ile
100 105 110
Arg Asp Lys Leu Val Gln Thr Ile Tyr Arg Gly Ile Glu Pro Thr Leu
115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140
Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160
Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Glu Glu Tyr Ile
165 170 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala His Asp
180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Leu Asn
195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys
260 265 270
Ile Met Ala Leu Thr Lys Ser Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Pro Ala
275 280 285
Pro Pro Ala Asp Ile Lys Thr Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Leu

290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320

Gln Lys Arg Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415

Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460

Glu Val Lys Glu Phe Phe Arg Trp Ala Gln Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480

Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Asn Lys Arg Pro Ala
485 490 495

Pro Asp Asp Ala Asp Lys Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510

Ala Asp Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Gly Ala Pro Val Asp Phe Ala
515 520 525

Asp Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Ala Gly Met Leu Gln Met
530 535 540

Leu Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Phe Asn Ile
545 550 555 560
Cys Phe Thr His Gly Thr Arg Asp Cys Ser Glu Cys Phe Pro Gly Val
565 570 575

Ser Glu Ser Gln Pro Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Arg Lys Leu Cys
580 585 590
Ala Ile His His Leu Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser Ala
595 600 605
Cys Asp Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln
610 615 620

<210> 466

<211> 4683

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 6

<400> 466

ttggccactc cctctctgcg cgctcgctcg ctcactgagg ccgggcgacc aaaggtcgcc 60

cgacgcccgg gctttgcccg ggcggcctca gtgagcgagc gagcgcgcag agagggagtg 120
gccaactcca tcactagggg ttcctggagg ggtggagtcg tgacgtgaat tacgtcatag 180
ggttagggag gtcctgtatt agaggtcacg tgagtgtttt gcgacatttt gcgacaccat 240
gtggtcacgc tgggtattta agcccgagtg agcacgcagg gtctccattt tgaagcggga 300
ggtttgaacg cgcagcgcca tgccggggtt ttacgagatt gtgattaagg tccccagcga 360
ccttgacgag catctgcccg gcatttctga cagctttgtg aactgggtgg ccgagaagga 420
atgggagttg ccgccagatt ctgacatgga tctgaatctg attgagcagg cacccctgac 480

cgtggccgag aagctgcagc gcgacttcct ggtccagtgg cgccgcgtga gtaaggcccc 540
ggaggccctc ttctttgttc agttcgagaa gggcgagtcc tacttccacc tccatattct 600
ggtggagacc acgggggtca aatccatggt gctgggccgc ttcctgagtc agattaggga 660
caagctggtg cagaccatct accgcgggat cgagccgacc ctgcccaact ggttcgcggt 720
gaccaagacg cgtaatggcg ccggaggggg gaacaaggtg gtggacgagt gctacatccc 780
caactacctc ctgcccaaga ctcagcccga gctgcagtgg gcgtggacta acatggagga 840
gtatataagc gcgtgtttaa acctggccga gcgcaaacgg ctcgtggcgc acgacctgac 900

ccacgtcagc cagacccagg agcagaacaa ggagaatctg aaccccaatt ctgacgcgcc 960

tgtcatccgg tcaaaaacct ccgcacgcta catggagctg gtcgggtggc tggtggaccg 1020

gggcatcacc tccgagaagc agtggatcca ggaggaccag gcctcgtaca tctccttcaa 1080

cgccgcctcc aactcgcggt cccagatcaa ggccgctctg gacaatgccg gcaagatcat 1140

ggcgctgacc aaatccgcgc ccgactacct ggtaggcccc gctccgcccg ccgacattaa 1200

aaccaaccgc atttaccgca tcctggagct gaacggctac gaccctgcct acgccggctc 1260

cgtctttctc ggctgggccc agaaaaggtt cggaaaacgc aacaccatct ggctgtttgg 1320

gccggccacc acgggcaaga ccaacatcgc ggaagccatc gcccacgccg tgcccttcta 1380

cggctgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg acaagatggt 1440

gatctggtgg gaggagggca agatgacggc caaggtcgtg gagtccgcca aggccattct 1500

cggcggcagc aaggtgcgcg tggaccaaaa gtgcaagtcg tccgcccaga tcgatcccac 1560

ccccgtgatc gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg attgacggga acagcaccac 1620

cttcgagcac cagcagccgt tgcaggaccg gatgttcaaa tttgaactca cccgccgtct 1680

ggagcatgac tttggcaagg tgacaaagca ggaagtcaaa gagttcttcc gctgggcgca 1740

ggatcacgtg accgaggtgg cgcatgagtt ctacgtcaga aagggtggag ccaacaagag 1800

acccgccccc gatgacgcgg ataaaagcga gcccaagcgg gcctgcccct cagtcgcgga 1860

tccatcgacg tcagacgcgg aaggagctcc ggtggacttt gccgacaggt accaaaacaa 1920

atgttctcgt cacgcgggca tgcttcagat gctgtttccc tgcaaaacat gcgagagaat 1980

gaatcagaat ttcaacattt gcttcacgca cgggaccaga gactgttcag aatgtttccc 2040

cggcgtgtca gaatctcaac cggtcgtcag aaagaggacg tatcggaaac tctgtgccat 2100

tcatcatctg ctggggcggg ctcccgagat tgcttgctcg gcctgcgatc tggtcaacgt 2160

ggatctggat gactgtgttt ctgagcaata aatgacttaa accaggtatg gctgccgatg 2220

gttatcttcc agattggctc gaggacaacc tctctgaggg cattcgcgag tggtgggact 2280

tgaaacctgg agccccgaaa cccaaagcca accagcaaaa gcaggacgac ggccggggtc 2340

tggtgcttcc tggctacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag ggggagcccg 2400

tcaacgcggc ggatgcagcg gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag cagctcaaag 2460

cgggtgacaa tccgtacctg cggtataacc acgccgacgc cgagtttcag gagcgtctgc 2520

aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc aagaagaggg 2580

ttctcgaacc ttttggtctg gttgaggaag gtgctaagac ggctcctgga aagaaacgtc 2640

cggtagagca gtcgccacaa gagccagact cctcctcggg cattggcaag acaggccagc 2700

agcccgctaa aaagagactc aattttggtc agactggcga ctcagagtca gtccccgacc 2760

cacaacctct cggagaacct ccagcaaccc ccgctgctgt gggacctact acaatggctt 2820

caggcggtgg cgcaccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg ggtaatgcct 2880

caggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag agtcatcacc accagcaccc 2940

gaacatgggc cttgcccacc tataacaacc acctctacaa gcaaatctcc agtgcttcaa 3000

cgggggccag caacgacaac cactacttcg gctacagcac cccctggggg tattttgatt 3060

tcaacagatt ccactgccat ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc aacaacaatt 3120

ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctcttcaa catccaagtc aaggaggtca 3180

cgacgaatga tggcgtcacg accatcgcta ataaccttac cagcacggtt caagtcttct 3240

cggactcgga gtaccagttg ccgtacgtcc tcggctctgc gcaccagggc tgcctccctc 3300

cgttcccggc ggacgtgttc atgattccgc agtacggcta cctaacgctc aacaatggca 3360

gccaggcagt gggacggtca tccttttact gcctggaata tttcccatcg cagatgctga 3420

gaacgggcaa taactttacc ttcagctaca ccttcgagga cgtgcctttc cacagcagct 3480

acgcgcacag ccagagcctg gaccggctga tgaatcctct catcgaccag tacctgtatt 3540

acctgaacag aactcagaat cagtccggaa gtgcccaaaa caaggacttg ctgtttagcc 3600

gggggtctcc agctggcatg tctgttcagc ccaaaaactg gctacctgga ccctgttacc 3660

ggcagcagcg cgtttctaaa acaaaaacag acaacaacaa cagcaacttt acctggactg 3720

gtgcttcaaa atataacctt aatgggcgtg aatctataat caaccctggc actgctatgg 3780

cctcacacaa agacgacaaa gacaagttct ttcccatgag cggtgtcatg atttttggaa 3840

aggagagcgc cggagcttca aacactgcat tggacaatgt catgatcaca gacgaagagg 3900

aaatcaaagc cactaacccc gtggccaccg aaagatttgg gactgtggca gtcaatctcc 3960

agagcagcag cacagaccct gcgaccggag atgtgcatgt tatgggagcc ttacctggaa 4020

tggtgtggca agacagagac gtatacctgc agggtcctat ttgggccaaa attcctcaca 4080

cggatggaca ctttcacccg tctcctctca tgggcggctt tggacttaag cacccgcctc 4140

ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccggcagag ttttcggcta 4200

caaagtttgc ttcattcatc acccagtatt ccacaggaca agtgagcgtg gagattgaat 4260

gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaatcccga agtgcagtat acatctaact 4320

atgcaaaatc tgccaacgtt gatttcactg tggacaacaa tggactttat actgagcctc 4380

gccccattgg cacccgttac ctcacccgtc ccctgtaatt gtgtgttaat caataaaccg 4440

gttaattcgt gtcagttgaa ctttggtctc atgtcgttat tatcttatct ggtcaccata 4500

gcaaccggtt acacattaac tgcttagttg cgcttcgcga ataccctag tgatggagtt 4560

gcccactccc tctatgcgcg ctcgctcgct cggtggggcc ggcagagcag agctctgccg 4620

tctgcggacc tttggtccgc aggccccacc gagcgagcga gcgcgcatag agggagtggg 4680

caa 4683

<210> 467

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 6

<400> 467

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 468

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 468

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

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

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

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

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 469

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 469

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

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

290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

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

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 470
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 470
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

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

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

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

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

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

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

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

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 471

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 471

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

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

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

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

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

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

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

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

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 472

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 7

<400> 472

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtcattt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

gcaaagaaga gaccggtaga gccgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacag tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

attaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg aaactgcagg tagtaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctgc ggttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgac gaatgacggc gttacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020

acgattcagg tattctcgga ctcggaatac cagctgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctcaaca atggcagtca gtctgtggga cgttcctcct tctactgcct ggagtacttc 1200

ccctctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttgagttca gctacagctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtact tgtactacct ggccagaaca cagagtaacc caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttacca gggcgggcct tcaactatgg ccgaacaagc caagaattgg 1440

ttacctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaaa cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggcagaaa ctcgttggtt 1560

aatcccggcg tcgccatggc aactcacaag gacgacgagg accgcttttt cccatccagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca actaacaaaa ctacattgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaagaaat tcgtcctact aatcctgtag ccacggaaga atacgggata 1740

gtcagcagca acttacaagc ggctaatact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga tggcaacttt cacccgtctc ctttgatggg cggctttgga 1920

cttaaacatc cgcctcctca gatcctgatc aagaacactc ccgttcccgc taatcctccg 1980

gaggtgttta ctcctgccaa gtttgcttcg ttcatcacac agtacagcac cggacaagtc 2040

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatt 2100

cagtacacct ccaactttga aaagcagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttactctg agcctcgccc tattggcact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 473

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 7

<400> 473

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

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

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

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

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 474
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 7
<400> 474
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

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

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

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

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Thr Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Pro Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

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

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

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

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Glu Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 475

<211> 623

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 7

<400> 475

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

1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu

20 25 30

Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Leu Asn Leu Ile

35 40 45

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

50 55 60

Val Gln Trp Arg Arg Val Ser Lys Ala Pro Glu Ala Leu Phe Phe Val
65 70 75 80
Gln Phe Glu Lys Gly Glu Ser Tyr Phe His Leu His Val Leu Val Glu
85 90 95
Thr Thr Gly Val Lys Ser Met Val Leu Gly Arg Phe Leu Ser Gln Ile
100 105 110
Arg Glu Lys Leu Val Gln Thr Ile Tyr Arg Gly Val Glu Pro Thr Leu
115 120 125

Pro Asn Trp Phe Ala Val Thr Lys Thr Arg Asn Gly Ala Gly Gly Gly
130 135 140
Asn Lys Val Val Asp Glu Cys Tyr Ile Pro Asn Tyr Leu Leu Pro Lys
145 150 155 160
Thr Gln Pro Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Met Glu Glu Tyr Ile
165 170 175
Ser Ala Cys Leu Asn Leu Ala Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln His
180 185 190

Leu Thr His Val Ser Gln Thr Gln Glu Gln Asn Lys Glu Asn Leu Asn
195 200 205
Pro Asn Ser Asp Ala Pro Val Ile Arg Ser Lys Thr Ser Ala Arg Tyr
210 215 220
Met Glu Leu Val Gly Trp Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr Ser Glu Lys
225 230 235 240
Gln Trp Ile Gln Glu Asp Gln Ala Ser Tyr Ile Ser Phe Asn Ala Ala
245 250 255

Ser Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Gly Lys
260 265 270
Ile Met Ala Leu Thr Lys Ser Ala Pro Asp Tyr Leu Val Gly Pro Ser
275 280 285
Leu Pro Ala Asp Ile Lys Thr Asn Arg Ile Tyr Arg Ile Leu Glu Leu
290 295 300

Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Phe Leu Gly Trp Ala
305 310 315 320

Gln Lys Lys Phe Gly Lys Arg Asn Thr Ile Trp Leu Phe Gly Pro Ala
325 330 335
Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro
340 345 350
Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp
355 360 365
Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380

Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430
Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445

Glu Leu Thr Arg Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Glu Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480
Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Ser Lys Arg Pro Ala
485 490 495
Pro Asp Asp Ala Asp Ile Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510

Ala Asp Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Gly Ala Pro Val Asp Phe Ala
515 520 525
Asp Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Ala Gly Met Ile Gln Met
530 535 540
Leu Phe Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Phe Asn Ile

545 550 555 560

Cys Phe Thr His Gly Val Arg Asp Cys Leu Glu Cys Phe Pro Gly Val

565 570 575

Ser Glu Ser Gln Pro Val Val Arg Lys Lys Thr Tyr Arg Lys Leu Cys

580 585 590

Ala Ile His His Leu Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser Ala

595 600 605

Cys Asp Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln

610 615 620

<210> 476

<211> 4721

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 7

<400> 476

ttggccactc cctctatgcg cgctcgctcg ctcggtgggg cctgcggacc aaaggtccgc 60

agacggcaga gctctgctct gccggcccca ccgagcgagc gagcgcgcat agagggagtg 120

gccaactcca tcactagggg taccgcgaag cgcctcccac gctgccgcgt cagcgctgac 180

gtaaatcacg tcatagggga gtggtcctgt attagctgtc acgtgagtgc ttttgcgaca 240

ttttgcgaca ccacgtggcc atttgaggta tatatggccg agtgagcgag caggatctcc 300

attttgaccg cgaaatttga acgagcagca gccatgccgg gtttctacga gatcgtgatc 360

aaggtgccga gcgacctgga cgagcacctg ccgggcattt ctgactcgtt tgtgaactgg 420

gtggccgaga aggaatggga gctgcccccg gattctgaca tggatctgaa tctgatcgag 480

caggcacccc tgaccgtggc cgagaagctg cagcgcgact tcctggtcca atggcgccgc 540

gtgagtaagg ccccggaggc cctgttcttt gttcagttcg agaagggcga gagctacttc 600

caccttcacg ttctggtgga gaccacgggg gtcaagtcca tggtgctagg ccgcttcctg 660

agtcagattc gggagaagct ggtccagacc atctaccgcg gggtcgagcc cacgctgccc 720

aactggttcg cggtgaccaa gacgcgtaat ggcgccggcg gggggaacaa ggtggtggac 780

gagtgctaca tccccaacta cctcctgccc aagacccagc ccgagctgca gtgggcgtgg 840

actaacatgg aggagtatat aagcgcgtgt ttgaacctgg ccgaacgcaa acggctcgtg 900

gcgcagcacc tgacccacgt cagccagacg caggagcaga acaaggagaa tctgaacccc 960

aattctgacg cgcccgtgat caggtcaaaa acctccgcgc gctacatgga gctggtcggg 1020

tggctggtgg accggggcat cacctccgag aagcagtgga tccaggagga ccaggcctcg 1080

tacatctcct tcaacgccgc ctccaactcg cggtcccaga tcaaggccgc gctggacaat 1140

gccggcaaga tcatggcgct gaccaaatcc gcgcccgact acctggtggg gccctcgctg 1200

cccgcggaca ttaaaaccaa ccgcatctac cgcatcctgg agctgaacgg gtacgatcct 1260

gcctacgccg gctccgtctt tctcggctgg gcccagaaaa agttcgggaa gcgcaacacc 1320

atctggctgt ttgggcccgc caccaccggc aagaccaaca ttgcggaagc catcgcccac 1380

gccgtgccct tctacggctg cgtcaactgg accaatgaga actttccctt caacgattgc 1440

gtcgacaaga tggtgatctg gtgggaggag ggcaagatga cggccaaggt cgtggagtcc 1500

gccaaggcca ttctcggcgg cagcaaggtg cgcgtggacc aaaagtgcaa gtcgtccgcc 1560

cagatcgacc ccacccccgt gatcgtcacc tccaacacca acatgtgcgc cgtgattgac 1620

gggaacagca ccaccttcga gcaccagcag ccgttgcagg accggatgtt caaatttgaa 1680

ctcacccgcc gtctggagca cgactttggc aaggtgacga agcaggaagt caaagagttc 1740

ttccgctggg ccagtgatca cgtgaccgag gtggcgcatg agttctacgt cagaaagggc 1800

ggagccagca aaagacccgc ccccgatgac gcggatataa gcgagcccaa gcgggcctgc 1860

ccctcagtcg cggatccatc gacgtcagac gcggaaggag ctccggtgga ctttgccgac 1920

aggtaccaaa acaaatgttc tcgtcacgcg ggcatgattc agatgctgtt tccctgcaaa 1980

acgtgcgaga gaatgaatca gaatttcaac atttgcttca cacacggggt cagagactgt 2040

ttagagtgtt tccccggcgt gtcagaatct caaccggtcg tcagaaaaaa gacgtatcgg 2100

aaactctgcg cgattcatca tctgctgggg cgggcgcccg agattgcttg ctcggcctgc 2160

gacctggtca acgtggacct ggacgactgc gtttctgagc aataaatgac ttaaaccagg 2220

tatggctgcc gatggttatc ttccagattg gctcgaggac aacctctctg agggcattcg 2280

cgagtggtgg gacctgaaac ctggagcccc gaaacccaaa gccaaccagc aaaagcagga 2340

caacggccgg ggtctggtgc ttcctggcta caagtacctc ggacccttca acggactcga 2400

caaggggggag cccgtcaacg cggcggacgc agcggccctc gagcacgaca aggcctacga 2460

ccagcagctc aaagcgggtg acaatccgta cctgcggtat aaccacgccg acgccgagtt 2520

tcaggagcgt ctgcaagaag atacgtcatt tgggggcaac ctcgggcgag cagtcttcca 2580

ggccaagaag cgggttctcg aacctctcgg tctggttgag gaaggcgcta agacggctcc 2640

tgcaaagaag agaccggtag agccgtcacc tcagcgttcc cccgactcct ccacgggcat 2700

cggcaagaaa ggccagcagc ccgccagaaa gagactcaat ttcggtcaga ctggcgactc 2760

agagtcagtc cccgaccctc aacctctcgg agaacctcca gcagcgccct ctagtgtggg 2820

atctggtaca gtggctgcag gcggtggcgc accaatggca gacaataacg aaggtgccga 2880

cggagtgggt aatgcctcag gaaattggca ttgcgattcc acatggctgg gcgacagagt 2940

cattaccacc agcacccgaa cctgggccct gcccacctac aacaaccacc tctacaagca 3000

aatctccagt gaaactgcag gtagtaccaa cgacaacacc tacttcggct acagcacccc 3060

ctgggggtat tttgacttta acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg 3120

actcatcaac aacaactggg gattccggcc caagaagctg cggttcaagc tcttcaacat 3180

ccaggtcaag gaggtcacga cgaatgacgg cgttacgacc atcgctaata accttaccag 3240

cacgattcag gtattctcgg actcggaata ccagctgccg tacgtcctcg gctctgcgca 3300

ccagggctgc ctgcctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acggctacct 3360

gactctcaac aatggcagtc agtctgtggg acgttcctcc ttctactgcc tggagtactt 3420

cccctctcag atgctgagaa cgggcaacaa ctttgagttc agctacagct tcgaggacgt 3480

gcctttccac agcagctacg cacacagcca gagcctggac cggctgatga atcccctcat 3540

cgaccagtac ttgtactacc tggccagaac acagagtaac ccaggaggca cagctggcaa 3600

tcgggaactg cagttttacc agggcgggcc ttcaactatg gccgaacaag ccaagaattg 3660

gttacctgga ccttgcttcc ggcaacaaag agtctccaaa acgctggatc aaaacaacaa 3720

cagcaacttt gcttggactg gtgccaccaa atatcacctg aacggcagaa actcgttggt 3780

taatcccggc gtcgccatgg caactcacaa ggacgacgag gaccgctttt tcccatccag 3840

cggagtcctg atttttggaa aaactggagc aactaacaaa actacattgg aaaatgtgtt 3900

aatgacaaat gaagaagaaa ttcgtcctac taatcctgta gccacggaag aatacgggat 3960

agtcagcagc aacttacaag cggctaatac tgcagcccag acacaagttg tcaacaacca 4020

gggagcctta cctggcatgg tctggcagaa ccgggacgtg tacctgcagg gtcccatctg 4080

ggccaagatt cctcacacgg atggcaactt tcacccgtct cctttgatgg gcggctttgg 4140

acttaaacat ccgcctcctc agatcctgat caagaacact cccgttcccg ctaatcctcc 4200

ggaggtgttt actcctgcca agtttgcttc gttcatcaca cagtacagca ccggacaagt 4260

cagcgtggaa atcgagtggg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgctgga acccggagat 4320

tcagtacacc tccaactttg aaaagcagac tggtgtggac tttgccgttg acagccaggg 4380

tgtttactct gagcctcgcc ctattggcac tcgttacctc acccgtaatc tgtaattgca 4440

tgttaatcaa taaaccggtt gattcgtttc agttgaactt tggtctcctg tgcttcttat 4500

cttatcggtt tccatagcaa ctggttacac attaactgct tgggtgcgct tcacgataag 4560

aacactgacg tcaccgcggt acccctagtg atggagttgg ccactccctc tatgcgcgct 4620

cgctcgctcg gtggggcctg cggaccaaag gtccgcagac ggcagagctc tgctctgccg 4680

gccccaccga gcgagcgagc gcgcatagag ggagtggcca a 4721

<210> 477

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 7

<400> 477

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

aacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtcattt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

gcaaagaaga gaccggtaga gccgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacag tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

attaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg aaactgcagg tagtaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctgc ggttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgac gaatgacggc gttacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020

acgattcagg tattctcgga ctcggaatac cagctgccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctcaaca atggcagtca gtctgtggga cgttcctcct tctactgcct ggagtacttc 1200

ccctctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttgagttca gctacagctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtact tgtactacct ggccagaaca cagagtaacc caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttacca gggcgggcct tcaactatgg ccgaacaagc caagaattgg 1440

ttacctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaaa cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggcagaaa ctcgttggtt 1560

aatcccggcg tcgccatggc aactcacaag gacgacgagg accgcttttt cccatccagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca actaacaaaa ctacattgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaagaaat tcgtcctact aatcctgtag ccacggaaga atacgggata 1740

gtcagcagca acttacaagc ggctaatact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga tggcaacttt cacccgtctc ctttgatggg cggctttgga 1920

cttaaacatc cgcctcctca gatcctgatc aagaacactc ccgttcccgc taatcctccg 1980

gaggtgttta ctcctgccaa gtttgcttcg ttcatcacac agtacagcac cggacaagtc 2040

agcgtggaaa tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatt 2100

cagtacacct ccaactttga aaagcagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttactctg agcctcgccc tattggcact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 478

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 7

<400> 478

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

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

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Thr Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Pro Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

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

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Glu Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 479

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 8

<400> 479

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

caggggggct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 480

<211> 2213

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 8

<400> 480

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800
caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920
ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980
ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100
atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt aatacagaag 2160

gcgtgtactc tgaaccccgc cccattggca cccgttacct cacccgtaat ctg 2213

<210> 481
<211> 4393
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus 8
<400> 481

cagagaggga gtggccaact ccatcactag gggtagcgcg aagcgcctcc cacgctgccg 60
cgtcagcgct gacgtaaatt acgtcatagg ggagtggtcc tgtattagct gtcacgtgag 120
tgcttttgcg gcattttgcg acaccacgtg gccatttgag gtatatatgg ccgagtgagc 180
gagcaggatc tccattttga ccgcgaaatt tgaacgagca gcagccatgc cgggcttcta 240
cgagatcgtg atcaaggtgc cgagcgacct ggacgagcac ctgccgggca tttctgactc 300

gtttgtgaac tgggtggccg agaaggaatg ggagctgccc ccggattctg acatggatcg 360
gaatctgatc gagcaggcac ccctgaccgt ggccgagaag ctgcagcgcg acttcctggt 420
ccaatggcgc cgcgtgagta aggccccgga ggccctcttc tttgttcagt tcgagaaggg 480
cgagagctac tttcacctgc acgttctggt cgagaccacg ggggtcaagt ccatggtgct 540
aggccgcttc ctgagtcaga ttcgggaaaa gcttggtcca gaccatctac ccgcggggtc 600
gagccccacc ttgcccaact ggttcgcggt gaccaaagac gcggtaatgg cgccggcggg 660
ggggaacaag gtggtggacg agtgctacat ccccaactac ctcctgccca agactcagcc 720

cgagctgcag tgggcgtgga ctaacatgga ggagtatata agcgcgtgct tgaacctggc 780
cgagcgcaaa cggctcgtgg cgcagcacct gacccacgtc agccagacgc aggagcagaa 840
caaggagaat ctgaacccca attctgacgc gcccgtgatc aggtcaaaaa cctccgcgcg 900
ctatatggag ctggtcgggt ggctggtgga ccggggcatc acctccgaga agcagtggat 960
ccaggaggac caggcctcgt acatctcctt caacgccgcc tccaactcgc ggtcccagat 1020

caaggccgcg ctggacaatg ccggcaagat catggcgctg accaaatccg cgcccgacta 1080

cctggtgggg ccctcgctgc ccgcggacat tacccagaac cgcatctacc gcatcctcgc 1140

tctcaacggc tacgaccctg cctacgccgg ctccgtcttt ctcggctggg ctcagaaaaa 1200

gttcgggaaa cgcaacacca tctggctgtt tggacccgcc accaccggca agaccaacat 1260

tgcggaagcc atcgcccacg ccgtgcccct ctacggctgc gtcaactgga ccaatgagaa 1320

ctttcccttc aatgattgcg tcgacaagat ggtgatctgg tgggaggagg gcaagatgac 1380

ggccaaggtc gtggagtccg ccaaggccat tctcggcggc agcaaggtgc gcgtggacca 1440

aaagtgcaag tcgtccgccc agatcgaccc cacccccgtg atcgtcacct ccaacaccaa 1500

catgtgcgcc gtgattgacg ggaacagcac caccttcgag caccagcagc ctctccagga 1560

ccggatgttt aagttcgaac tcacccgccg tctggagcac gactttggca aggtgacaaa 1620

gcaggaagtc aaagagttct tccgctgggc cagtgatcac gtgaccgagg tggcgcatga 1680

gttttacgtc agaaagggcg gagccagcaa aagacccgcc cccgatgacg cggataaaag 1740

cgagcccaag cgggcctgcc cctcagtcgc ggatccatcg acgtcagacg cggaaggagc 1800

tccggtggac tttgccgaca ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgcgg gcatgcttca 1860

gatgctgttt ccctgcaaaa cgtgcgagag aatgaatcag aatttcaaca tttgcttcac 1920

acacggggtc agagactgct cagagtgttt ccccggcgtg tcagaatctc aaccggtcgt 1980

cagaaagagg acgtatcgga aactctgtgc gattcatcat ctgctggggc gggctcccga 2040

gattgcttgc tcggcctgcg atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca 2100

ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca 2160

acctctctga gggcattcgc gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag 2220

ccaaccagca aaagcaggac gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg 2280

gacccttcaa cggactcgac aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg 2340

agcacgacaa ggcctacgac cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata 2400

accacgccga cgccgagttt caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc 2460

tcgggcgagc agtcttccag gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg 2520

aaggcgctaa gacggctcct ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc 2580

cagactcctc tacgggcatc ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt 2640

ttggtcagac tggcgactca gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag 2700

cagcgccctc tggtgtggga cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag 2760

acaataacga aggcgccgac ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca 2820

catggctggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca 2880
acaaccacct ctacaagcaa atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca 2940
cctacttcgg ctacagcacc ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact 3000
tttcaccacg tgactggcag cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac 3060
tcagcttcaa gctcttcaac atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga 3120
ccatcgccaa taacctcacc agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc 3180
cgtacgttct cggctctgcc caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca 3240

tgattcccca gtacggctac ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct 3300
ccttctactg cctggaatac tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt 3360
ttacttacac cttcgaggac gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg 3420
accggctgat gaatcctctg attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa 3480
caggaggcac ggcaaatacg cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg 3540
ccaatcaggc aaagaactgg ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga 3600
caaccgggca aaacaacaat agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga 3660

atggaagaaa ttcattggct aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg 3720
agcgtttttt tcccagtaac gggatcctga ttttttggcaa acaaaatgct gccagagaca 3780
atgcggatta cagcgatgtc atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg 3840
tggctacaga ggaatacggt atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc 3900
aaattggaac tgtcaacagc caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg 3960
tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt 4020
ctccgctgat gggcggcttt ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca 4080

cgcctgtacc tgcggatcct ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca 4140
cgcaatacag caccggacag gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca 4200
gcaagcgctg gaaccccgag atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg 4260
actttgctgt taatacagaa ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc 4320
tcacccgtaa tctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg ttgattcgtt tcagttgaac 4380
tttggtctct gcg 4393

<210> 482

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 8

<400> 482

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

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 483

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 8

<400> 483

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

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

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

145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

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

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

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

580 585 590

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

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Ile Gln Lys

705 710 715 720

Ala Cys Thr Leu Asn Pro Ala Pro Leu Ala Pro Val Thr Ser Pro Val

725 730 735

Ile

<210> 484

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 8

<400> 484

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200
tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260
gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320
attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380
cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440
ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500
agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620
gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680
atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740
atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800
caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920
ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100
atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160
ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 485
<211> 2214
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 485
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgcc tgagcggacg gcgatgagtc ttccgggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 486

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

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

<400> 486

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

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

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

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

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

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

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

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

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

580 585 590

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

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 487

<211> 2214

<212

> DNA

<213> Artificial Sequence

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

polynucleotide

<400> 487

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgag ttttagtcgt gcggttcttt gtgatggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggcctgaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctg 2214

<210> 488

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

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

<400> 488

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

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

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly

450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His

500 505 510

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

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Ser Phe Ser Arg Ala Val

580 585 590

Leu Cys Asp Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 489

<211> 4385

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 489

cagagaggga gtggccaact ccatcactag gggtaatcgc gaagcgcctc ccacgctgcc 60

gcgtcagcgc tgacgtagat tacgtcatag gggagtggtc ctgtattagc tgtcacgtga 120

gtgcttttgc gacattttgc gacaccacat ggccatttga ggtatatatg gccgagtgag 180

cgagcaggat ctccattttg accgcgaaat ttgaacgagc agcagccatg ccgggcttct 240

acgagattgt gatcaaggtg ccgagcgacc tggacgagca cctgccgggc atttctgact 300

cttttgtgaa ctgggtggcc gagaaggaat gggagctgcc cccggattct gacatggatc 360

ggaatctgat cgagcaggca cccctgaccg tggccgagaa gctgcagcgc gacttcctgg 420

tccaatggcg ccgcgtgagt aaggccccgg aggccctctt ctttgttcag ttcgagaagg 480

gcgagagcta ctttcacctg cacgttctgg tcgagaccac gggggtcaag tccatggtgc 540

taggccgctt cctgagtcag attcgggaga agctggtcca gaccatctac cgcgggatcg 600

agccgaccct gcccaactgg ttcgcggtga ccaagacgcg taatggcgcc ggcgggggga 660

acaaggtggt ggacgagtgc tacatcccca actacctcct gcccaagact cagcccgagc 720

tgcagtgggc gtggactaac atggaggagt atataagcgc gtgcttgaac ctggccgagc 780

gcaaacggct cgtggcgcag cacctgaccc acgtcagcca gacgcaggag cagaacaagg 840

agaatctgaa ccccaattct gacgcgcccg tgatcaggtc aaaaacctcc gcgcgctaca 900

tggagctggt cgggtggctg gtggaccggg gcatcacctc cgagaagcag tggatccagg 960

aggaccaggc ctcgtacatc tccttcaacg ccgcctccaa ctcgcggtcc cagatcaagg 1020

ccgcgctgga caatgccggc aagatcatgg cgctgaccaa atccgcgccc gactacctgg 1080

taggcccttc acttccggtg gacattacgc agaaccgcat ctaccgcatc ctgcagctca 1140

acggctacga ccctgcctac gccggctccg tctttctcgg ctgggcacaa aagaagttcg 1200

ggaaacgcaa caccatctgg ctgtttgggc cggccaccac gggaaagacc aacatcgcag 1260

aagccattgc ccacgccgtg cccttctacg gctgcgtcaa ctggaccaat gagaactttc 1320

ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga tctggtggga ggagggcaag atgacggcca 1380

aggtcgtgga gtccgccaag gccattctcg gcggcagcaa ggtgcgcgtg gaccaaaagt 1440

gcaagtcgtc cgcccagatc gaccccactc ccgtgatcgt cacctccaac accaacatgt 1500

gcgccgtgat tgacgggaac agcaccacct tcgagcacca gcagcctctc caggaccgga 1560

tgtttaagtt cgaactcacc cgccgtctgg agcacgactt tggcaaggtg acaaagcagg 1620

aagtcaaaga gttcttccgc tgggccagtg atcacgtgac cgaggtggcg catgagtttt 1680

acgtcagaaa gggcggagcc agcaaaagac ccgcccccga tgacgcggat aaaagcgagc 1740

ccaagcgggc ctgcccctca gtcgcggatc catcgacgtc agacgcggaa ggagctccgg 1800

tggactttgc cgacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgcgggcatg cttcagatgc 1860

tgcttccctg caaaacgtgc gagagaatga atcagaattt caacatttgc ttcacacacg 1920

gggtcagaga ctgctcagag tgtttccccg gcgtgtcaga atctcaaccg gtcgtcagaa 1980

agaggacgta tcggaaactc tgtgcgattc atcatctgct ggggcgggct cccgagattg 2040

cttgctcggc ctgcgatctg gtcaacgtgg acctggatga ctgtgtttct gagcaataaa 2100

tgacttaaac caggtatggc tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacaacctc 2160

tctgagggca ttcgcgagtg gtgggcgctg aaacctggag ccccgaagcc caaagccaac 2220

cagcaaaagc aggacgacgg ccggggtctg gtgcttcctg gctacaagta cctcggaccc 2280

ttcaacggac tcgacaaggg ggagcccgtc aacgcggcgg acgcagcggc cctcgagcac 2340

ggcaaggcct acgaccagca gctgcaggcg ggtgacaatc cgtacctgcg gtataaccac 2400

gccgacgccg agtttcagga gcgtctgcaa gaagatacgt cttttggggg caacctcggg 2460

cgagcagtct tccaggccaa gaagcgggtt ctcgaacctc tcggtctggt tgaggaaggc 2520

gctaagacgg ctcctggaaa gaagagaccg gtagagccat caccccagcg ttctccagac 2580

tcctctacgg gcatcggcaa gaaaggccaa cagcccgcca gaaaaagact caattttggt 2640

cagactggcg actcagagtc agttccagac cctcaacctc tcggagaacc tccagcagcg 2700

ccctctggtg tgggacctaa tacaatggct gcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat 2760

aacgaaggcg ccgacggagt gggtaattcc tcgggaaatt ggcattgcga ttccacatgg 2820

ctgggggaca gagtcatcac caccagcacc cgaacctggg cattgcccac ctacaacaac 2880

cacctctaca agcaaatctc caatggaaca tcgggaggaa gcaccaacga caacacctac 2940

tttggctaca gcacccccctg ggggtatttt gacttcaaca gattccactg ccacttctca 3000

ccacgtgact ggcagcgact catcaacaac aactggggat tccggccaaa gagactcaac 3060

ttcaagctgt tcaacatcca ggtcaaggag gttacgacga acgaaggcac caagaccatc 3120

gccaataacc ttaccagcac cgtccaggtc tttacggact cggagtacca gctaccgtac 3180

gtcctaggct ctgcccacca aggatgcctg ccaccgtttc ctgcagacgt cttcatggtt 3240

cctcagtacg gctacctgac gctcaacaat ggaagtcaag cgttaggacg ttcttctttc 3300

tactgtctgg aatacttccc ttctcagatg ctgagaaccg gcaacaactt tcagttcagc 3360

tacactttcg aggacgtgcc tttccacagc agctacgcac acagccagag tctagatcga 3420

ctgatgaacc ccctcatcga ccagtaccta tactacctgg tcagaacaca gacaactgga 3480

actgggggaa ctcaaacttt ggcattcagc caagcaggcc ctagctcaat ggccaatcag 3540

gctagaaact gggtacccgg gccttgctac cgtcagcagc gcgtctccac aaccaccaac 3600

caaaataaca acagcaactt tgcgtggacg ggagctgcta aattcaagct gaacgggaga 3660

gactcgctaa tgaatcctgg cgtggctatg gcatcgcaca aagacgacga ggaccgcttc 3720

tttccatcaa gtggcgttct catatttggc aagcaaggag ccgggaacga tggagtcgac 3780

tacagccagg tgctgattac agatgaggaa gaaattaaag ccaccaaccc tgtagccaca 3840

gaggaatacg gagcagtggc catcaacaac caggccgcta acacgcaggc gcaaactgga 3900

cttgtgcata accagggagt tattcctggt atggtctggc agaaccggga cgtgtacctg 3960

cagggcccta tttgggctaa aatacctcac acagatggca actttcaccc gtctcctctg 4020

atgggtggat ttggactgaa acacccacct ccacagattc taattaaaaa tacaccagtg 4080

ccggcagatc ctcctcttac cttcaatcaa gccaagctga actctttcat cacgcagtac 4140

agcacgggac aagtcagcgt ggaaatcgag tgggagctgc agaaagaaaa cagcaagcgc 4200

tggaatccag agatccagta tacttcaaac tactacaaat ctacaaatgt ggactttgct 4260

gtcaatacca aaggtgttta ctctgagcct cgccccattg gtactcgtta cctcacccgt 4320

aatttgtaat tgcctgttaa tcaataaacc ggttaattcg tttcagttga actttggtct 4380

ctgcg 4385

<210> 490

<211> 4382

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 490

cagagaggga gtggccaact ccatcactag gggtaatcgc gaagcgcctc ccacgctgcc 60

gcgtcagcgc tgacgtagat tacgtcatag gggagtggtc ctgtattagc tgtcacgtga 120

gtgcttttgc gacattttgc gacaccacat ggccatttga ggtatatatg gccgagtgag 180

cgagcaggat ctccattttg accgcgaaat ttgaacgagc agcagccatg ccgggcttct 240

acgagattgt gatcaaggtg ccgagcgacc tggacgagca cctgccgggc atttctgact 300

cttttgtgaa ctgggtggcc gagaaggaat gggagctgcc cccggattct gacatggatc 360

ggaatctgat cgagcaggca cccctgaccg tggccgagaa gctgtagcgc gacttcctgg 420

tccaatggcg ccgcgtgagt aaggccccgg aggccctctt ctttgttcag ttcgagaagg 480

gcgagagcta ctttcacctg cacgttctgg tcgagaccac gggggtcaag tccatggtgc 540

taggccgctt cctgagtcag attcgggaga agctggtcca gaccatctac cgcgggatcg 600

agccgaccct gcccaactgg ttcgcggtga ccaagacgcg taatggcgcc ggcgggggga 660

acaaggtggt ggacgagtgc tacatcccca actacctcct gcccaagact cagcccgagc 720

tgcagtgggc gtggactaac atggaggagt atataagcgc gtgcttgaac ctggccgagc 780

gcaaacggct cgtggcgcag cacctgaccc acgtcagcca gacgcaggag cagaacaagg 840

agaatctgaa ccccaattct gacgcgcccg tgatcaggtc aaaaacctcc gcgcgctaca 900

tggagctggt cgggtggctg gtggaccggg gcatcacctc cgagaagcag tggatccagg 960

aggaccaggc ctcgtacatc tccttcaacg ccgcctccaa ctcgcggtcc cagatcaagg 1020

ccgcgctgga caatgccggc aagatcatgg cgctgaccaa atccgcgccc gactacctgg 1080

taggcccttc acttccggtg gacattacgc agaaccgcat ctaccgcatc ctgcagctca 1140

acggctacga ccctgcctac gccggctccg tctttctcgg ctgggcacaa aagaagttcg 1200

ggaaacgcaa caccatctgg ctgtttgggc cggccaccac gggaaagacc aacatcgcag 1260

aagccattgc ccacgccgtg cccttctacg gctgcgtcaa ctggaccaat gagaactttc 1320

ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga tctggtggga ggagggcaag atgacggcca 1380

aggtcgtgga gtccgccaag gccattctcg gcggcagcaa ggtgcgcgtg gaccaaaagt 1440

gcaagtcgtc cgcccagatc gaccccactc ccgtgatcgt cacctccaac accaacatgt 1500

gcgccgtgat tgacgggaac agcaccacct tcgagcacca gcagcctctc caggaccgga 1560

tgtttaagtt cgaactcacc cgccgtctgg agcacgactt tggcaaggtg acaaagcagg 1620

aagtcaaaga gttcttccgc tgggccagtg atcacgtgac cgaggtggcg catgagtttt 1680

acgtcagaaa gggcggagcc agcaaaagac ccgcccccga tgacgcggat aaaagcgagc 1740

ccaagcgggc ctgcccctca gtcgcggatc catcgacgtc agacgcggaa ggagctccgg 1800

tggactttgc cgacaggtac caaaacaaat gttctcgtca cgcgggcatg cttcagatgc 1860

tgcttccctg caaaacgtgc gagagaatga atcagaattt caacatttgc ttcacacacg 1920

gggtcagaga ctgctcagag tgtttccccg gcgtgtcaga atctcaaccg gtcgtcagaa 1980

agaggacgta tcggaaactc tgtgcgattc atcatctgct ggggcgggct cccgagattg 2040

cttgctcggc ctgcgatctg gtcaacgtgg acctggatga ctgtgtttct gagcaataaa 2100

tgacttaaac caggtatggc tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacaacctc 2160

tctgagggca ttcgcgagtg gtgggacctg aaacctggag ccccgaaacc caaagccaac 2220

cagcaaaagc aggacgacgg ccggggtctg gtgcttcctg gctacaagta cctcggaccc 2280

ttcaacggac tcgacaaggg ggagcccgtc aacgcggcgg acgcagcggc cctcgagcac 2340

gacaaggcct acgaccagca gctcaaagcg ggtgacaatc cgtacctgcg gtataaccac 2400

gccgacgccg agtttcagga gcgtctgcaa gaagatacgt cttttggggg caacctcggg 2460
cgagcagtct tccaggccaa gaagcgggtt ctcgaacctc tcggtctggt tgaggaaggc 2520
gctaagacgg ctcctggaaa gaagagaccg gtagagcagt caccccaaga accagactca 2580
tcctcgggca tcggcaaatc aggccagcag cccgctaaaa agagactcaa ttttggtcag 2640
actggcgact cagagtcagt ccccgaccca caacctctcg gagaacctcc agaagccccc 2700
tcaggtctgg gacctaatac aatggcttca ggcggtggcg ctccaatggc agacaataac 2760
gaaggcgccg acggagtggg taattcctcg ggaaattggc attgcgattc cacatggctg 2820

ggggacagag tcatcaccac cagcacccga acctgggcat tgcccaccta caacaaccac 2880
ctctacaagc aaatctccaa tggaacatcg ggaggaagca ccaacgacaa cacctacttt 2940
ggctacagca ccccctgggg gtattttgac ttcaacagat tccactgcca cttctcacca 3000
cgtgactggc agcgactcat caacaacaac tggggattcc ggccaaagag actcaacttc 3060
aagctgttca acatccaggt caaggaggtt acgacgaacg aaggcaccaa gaccatcgcc 3120
aataacctta ccagcaccgt ccaggtcttt acggactcgg agtaccagct accgtacgtc 3180
ctaggctctg cccaccaagg atgcctgcca ccgtttcctg cagacgtctt catggttcct 3240

cagtacggct acctgacgct caacaatgga agtcaagcgt taggacgttc ttctttctac 3300
tgtctggaat acttcccttc tcagatgctg agaaccggca acaactttca gttcagctac 3360
actttcgagg acgtgccttt ccacagcagc tacgcacaca gccagagtct agatcgactg 3420
atgaaccccc tcatcgacca gtacctatac tacctggtca gaacacagac aactggaact 3480
gggggaactc aaactttggc attcagccaa gcaggcccta gctcaatggc caatcaggct 3540
agaaactggg tacccgggcc ttgctaccgt cagcagcgcg tctccacaac caccaaccaa 3600
aataacaaca gcaactttgc gtggacggga gctgctaaat tcaagctgaa cgggagagac 3660

tcgctaatga atcctggcgt ggctatggca tcgcacaaag acgacgagga ccgcttcttt 3720
ccatcaagtg gcgttctcat atttggcaag caaggagccg ggaacgatgg agtcgactac 3780
agccaggtgc tgattacaga tgaggaagaa attaaagcca ccaaccctgt agccacagag 3840
gaatacggag cagtggccat caacaaccag gccgctaaca cgcaggcgca aactggactt 3900
gtgcataacc agggagttat tcctggtatg gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag 3960
ggccctattt gggctaaaat acctcacaca gatggcaact ttcacccgtc tcctctgatg 4020
ggtggatttg gactgaaaca cccacctcca cagattctaa ttaaaaatac accagtgccg 4080

gcagatcctc ctcttacctt caatcaagcc aagctgaact ctttcatcac gcagtacagc 4140

acgggacaag tcagcgtgga aatcgagtgg gagctgcaga aagaaaacag caagcgctgg 4200

aatccagaga tccagtatac ttcaaactac tacaaatcta caaatgtgga ctttgctgtc 4260

aataccgaag gtgtttactc tgagcctcgc cccattggta ctcgttacct cacccgtaat 4320

ttgtaattgc ctgttaatca ataaaccggt taattcgttt cagttgaact ttggtctctg 4380

cg 4382

<210> 491

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 491

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

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

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 492

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 9

<400> 492

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Glu Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

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

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 493
<211> 623
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 9
<400> 493
Met Pro Gly Phe Tyr Glu Ile Val Ile Lys Val Pro Ser Asp Leu Asp
1 5 10 15
Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Val Ala Glu
20 25 30
Lys Glu Trp Glu Leu Pro Pro Asp Ser Asp Met Asp Arg Asn Leu Ile
35 40 45

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

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

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

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

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

355 360 365

Cys Val Asp Lys Met Val Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala
370 375 380
Lys Val Val Glu Ser Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Lys Val Arg
385 390 395 400
Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Ala Gln Ile Asp Pro Thr Pro Val
405 410 415
Ile Val Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Ala Val Ile Asp Gly Asn Ser
420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Gln Asp Arg Met Phe Lys Phe
435 440 445
Glu Leu Thr Arg Arg Leu Glu His Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Lys Glu Phe Phe Arg Trp Ala Ser Asp His Val Thr Glu Val
465 470 475 480
Ala His Glu Phe Tyr Val Arg Lys Gly Gly Ala Ser Lys Arg Pro Ala
485 490 495

Pro Asp Asp Ala Asp Lys Ser Glu Pro Lys Arg Ala Cys Pro Ser Val
500 505 510
Ala Asp Pro Ser Thr Ser Asp Ala Glu Gly Ala Pro Val Asp Phe Ala
515 520 525
Asp Arg Tyr Gln Asn Lys Cys Ser Arg His Ala Gly Met Leu Gln Met
530 535 540
Leu Leu Pro Cys Lys Thr Cys Glu Arg Met Asn Gln Asn Phe Asn Ile
545 550 555 560

Cys Phe Thr His Gly Val Arg Asp Cys Ser Glu Cys Phe Pro Gly Val
565 570 575
Ser Glu Ser Gln Pro Val Val Arg Lys Arg Thr Tyr Arg Lys Leu Cys
580 585 590
Ala Ile His His Leu Leu Gly Arg Ala Pro Glu Ile Ala Cys Ser Ala
595 600 605

Cys Asp Leu Val Asn Val Asp Leu Asp Asp Cys Val Ser Glu Gln
610 615 620

<210> 494

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 494

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 495

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 495

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

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

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 496
<211> 2460
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 496
ggtaattcct ccggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgaccg agtcattacc 60
accagcaccc ggacttgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa gcaaatctcc 120
agccaatcgg gtgccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ttgggggtat 180
tttgatttca acagattcca ctgccatttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 240
aacaactggg gattcatggc tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacactctc 300
tctgaaggaa tcagacagtg gtggaagctc aaacctggcc caccaccgcc gaaacctaac 360

caacaacacc gggacgacag tagggtctt gtgcttcctg ggtacaagta cctcggaccc 420
ttcaacggac tcgacaaagg agagccggtc aacgaggcag acgccgcggc cctcgagcac 480
gacaaagcct acgaccacca gctcaagcaa ggggacaacc cgtacctcaa atacaaccac 540

gcggacgctg aatttcagga gcgtcttcaa gaagatacgt ctttcggggg caacctcggg 600

cgagcagtct tccaggccaa aaagagggta ctcgagcctc ttggtctggt tgaggaagct 660

gttaagacgg ctcctggaaa aaagagacct atagagcagt ctcctgcaga accggactct 720

tcctcgggca tcggcaaatc aggccagcag cccgctaaga aaagactcaa ttttggtcag 780

actggcgaca cagagtcagt cccagaccct caaccaatcg gagaaccccc cgcagccccc 840

tctggtgtgg gatctaatac aatggcttca ggcggtgggg caccaatggc agacaataac 900

gaaggcgccg acggagtggg taattcctcg ggaaattggc attgcgattc cacatggatg 960

ggcgacagag ttatcaccac cagcacaaga acctgggccc tccccaccta caataatcac 1020

ctctacaagc aaatctccag cgaatcggga gccaccaacg acaaccacta cttcggctac 1080

agcacccccct gggggtattt tgactttaac agattccact gtcacttctc accacgtgac 1140

tggcagcgac tcatcaacaa caactgggga tttagaccca agaaactcaa tttcaagctc 1200

ttcaacatcc aagtcaagga ggtcacgcag aatgatggaa ccacgaccat cgccaataac 1260

cttaccagca cggtgcaggt cttcacagac tctgagtacc agctgcccta cgtcctcggt 1320

tcggctcacc agggctgcct tccgccgttc ccagcagacg tcttcatgat tcctcagtac 1380

ggctacttga ctctgaacaa tggcagccaa gcggtaggac gttcttcatt ctactgtcta 1440

gagtattttc cctctcagat gctgaggacg ggaaacaact tcaccttcag ctacactttt 1500

gaagacgtgc ctttccacag cagctacgcg cacagccaga gtctggatcg gctgatgaat 1560

cctctcattg accagtacct gtattacctg agcaaaactc agggtacaag tggaacaacg 1620

cagcaatcga gactgcagtt cagccaagct gggcctagct ccatggctca gcaggccaaa 1680

aactggctac cgggacccag ctaccgacag cagcgaatgt ctaagacggc taatgacaac 1740

aacaacagtg aatttgcttg gactgcagcc accaaatatt acctgaatgg aagaaattct 1800

ctggtcaatc ccgggccccc aatggccagt cacaaggacg atgaggaaaa gtatttcccc 1860

atgcacggaa atctcatctt tggaaaacaa ggcacaggaa ctaccaatgt ggacattgaa 1920

tcagtgctta ttacagacga agaagaaatc agaacaacta atcctgtggc tacagaacaa 1980

tacggacagg ttgccaccaa ccatcagagt cagaacacca cagcttccta tggaagtgtg 2040

gacagccagg gaatcttacc tggaatggtg tggcaggacc gcgatgtcta tcttcaaggt 2100

cccatttggg ccaaaactcc tcacacggac ggacactttc atccttctcc gctcatggga 2160

ggctttggac tgaaacaccc tcctccccag atcctgatca aaaacacacc tgtgccagcg 2220

aatcccgcga ccactttcac tcctggaaag tttgcttcgt tcattaccca gtattccacc 2280

ggacaggtca gcgtggaaat agagtgggag ctgcagaaag aaaacagcaa acgctggaac 2340

ccagaaattc agtacacctc caactacaac aagtcggtga atgtggagtt taccgtggac 2400

gcaaacggtg tttattctga accccgccct attggcactc gttaccttac ccggaacttg 2460

<210> 497

<211> 3123

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 497

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga aaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggaaagat gaccgccaag gtcgtggaat 120

ctgccaaagc cattctgggt ggaggcaagg ttcgtgtgga ccagaaatgc aagtcttcgg 180

cccagatcga cccgactccg gtgattgtca cctctaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acggaaactc gaccaccttc gagcaccagc agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg 300

aacttacccg ccgtttggat catgactttg ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact 360

ttttccggtg ggctcaagat cacgtgactg aggtggagca tgagttctac gtcaaaaagg 420

gtggagccaa gaaaaggccc gcccccgatg atgtatatat aaatgagccc aagcgggcgc 480

gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcag acgcggaagc ttcgataaac tacgcggaca 540

ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg gcatgaatct gatgctgttt ccctgtcgac 600

aatgcgaaag aatgaatcag aattcaaata tctgcttcac acacgggcaa aaagactgtt 660

tggaatgctt tcccgtgtca gaatctcaac ccgtttctgt cgtcagaaaa acgtatcaga 720

aactttgtta cattcatcat atcatgggaa aagtaccaga cgcctgcact gcctgcgacc 780

tggtaaatgt ggacttggat gactgtattt ctgagcaata aatgacttaa atcaggtatg 840

gctgctgacg gttatcttcc agattggctc gaggacactc tctctgaagg aatcagacag 900

tggtggaagc tcaaacctgg cccaccaccg ccgaaaccta accaacaaca ccgggacgac 960

agtaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaaa 1020

ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaagc ctacgaccac 1080

cagctcaagc aaggggacaa cccgtacctc aaatacaacc acgcggacgc tgaatttcag 1140

gagcgtcttc aagaagatac gtctttcggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc 1200

aaaaagaggg tactcgagcc tcttggtctg gttgaggaag ctgttaagac ggctcctgga 1260

aaaaagagac ctatagagca gtctcctgca gaaccggact cttcctcggg catcggcaaa 1320

tcaggccagc agcccgctaa gaaaagactc aattttggtc agactggcga cacagagtca 1380

gtcccaggcc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcagccc cctctggtgt gggatctaat 1440

acaatggctt caggcggtgg ggcaccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg 1500

ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agttatcacc 1560

accagcacaa gaacctgggc cctccccacc tacaataatc acctctacaa gcaaatctcc 1620

agcgaatcgg gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680

tttgacttta acagattcca ctgtcacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740

aacaactggg gatttagacc caagaaactc aatttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 1800

gaggtcacgc agaatgatgg aaccacgacc atcgccaata accttaccag cgcggtgcag 1860

gtcttcacag actctgagta ccagctgccc tacgtcctcg gttcggctca ccagggctgc 1920

cttccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg attcctcagt acggctactt gactctgaac 1980

aatggcagcc aagcggtagg acgttcttca ttctactgtc tagagtattt tccctctcag 2040

atgctgagga cgggaaacaa cttcaccttc agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 2100

agcagctacg cgcacagcca gagtctggat cggctgatga atcctctcat tgaccagtac 2160

ctgtattacc tgagcaaaac tcagggtaca agtggaacaa cgcagcaatc gagactgcag 2220

ttcagccaag ctgggcctag ctccatggct cagcaggcca aaaactggct accgggaccc 2280

agctaccgac agcagcgaat gtctaagacg gctaatgaca acaacaacag tgaatttgct 2340

tggactgcag ccaccaaata ttacctgaat ggaagaaatt ctctggtcaa tcccgggccc 2400

ccagtggcca gtcacaagga cgatgaggaa aagtatttcc ccatgcacgg aaatctcatc 2460

tttggaaaac aaggcacagg aactaccaat gtggacattg aatcagtgct tattacagac 2520

gaagaagaaa tcagaacaac taatcctgtg gctacagaac aatacggaca ggttgccacc 2580

aaccatcaga gtcagaacac cacagcttcc tatggaagtg tggacagcca gggaatctta 2640

cctggaatgg tgtggcagga ccgcgatgtc tatcttcaag gtcccatttg ggccaaaact 2700

cctcacacgg acggacactt tcatccttct ccgctcatgg gaggctttgg actgaaacac 2760

cctcctcccc agatcctgat caaaaacaca cctgtgccag cgaatcccgc gaccactttc 2820

actcctggaa agtttgcttc gttcattacc cagtattcca cctgacaggt cagcgtggaa 2880

atagagtggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga acccagaaat tcagtacacc 2940

tccaactaca acaagtcggt gaatgtggag tttaccgtgg acgcaaacgg tgtttattct 3000

gaaccccgcc ctattggcac tcgttacctt acccggaact tgtaatttcc tgttaatgaa 3060

taagccgatt tatgcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttcgtttaaa 3120

cct 3123

<210> 498

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 498

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Gly Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

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

325 330 335

Thr Ser Ala Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Val Ala Ser His Lys Asp

515 520 525
Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr

580 585 590
Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 499

<211> 3123

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 499

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga aaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggaaagat gaccgccaag gtcgtggaat 120

ctgccaaagc cattctgggt ggaagcaagg ttcgtgtgga ccagaaatgc aagtcttcgg 180

cccagatcga cccgactccg gtgattgtca cctctaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acggaaactc gaccaccttc gagcaccagc agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg 300

aacttacccg ccgtttggat catgactttg ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact 360

ttttccggtg ggctcaagat cacgtgactg aggtggagca tgagttctac gtcaaaaagg 420

gtggagccaa gaaaaggccc gcccccgatg atgtatatat aaatgagccc aagcgggcgc 480

gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcag acgcggaagc ttcgataaac tacgcgggca 540

ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg gcatgaatct gatgctgttt ccctgtcgac 600

aatgcgaaag aatgaatcag aattcaaata tctgcttcac acacgggcaa aaagactgtt 660

tggaatgctt tcccgtgtca gaatctcaac ccgtttctgt cgtcagaaaa acgtatcaga 720

aactttgtta cattcatcat atcatgggaa aagaaccaga cgcctgcact gcctgcgacc 780

tggtaaatgt ggacttggat gactgtattt ctgagcaata aatgacttaa atcaggtatg 840

gctgctgacg gttatcttcc agattggctc gaggacactc tctctgaagg aatcagacag 900

tggtggaagc tcaaacctgg cccaccaccg ccgaaaccta accaacaaca ccgggacgac 960

agtaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaaa 1020

ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaagc ctacgaccac 1080

cagctcaagc aaggggacaa cccgtacctc aaatacaacc acgcggacgc tgaatttcag 1140

gagcgtcttc aagaagatac gtctttcggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc 1200

aaaaagaggg tactcgagcc tcttggtctg gttgaggaag ctgttaagac ggctcctgga 1260

aaaaagagac ctatagagca gtctcctgca gaaccggact cttcctcggg catcggcgaa 1320

tcaggccagc agcccgctaa gaaaagactc aattttggtc agactggcga cacagagtca 1380

gtcccagacc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcagccc cctctggtgt gggatctaat 1440

acaatggctt caggcggtgg ggcaccaatg gcagacgata acgaaggcgc cgacggagtg 1500

ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agttatcacc 1560

accagcacaa gaacctgggc cctccccacc tacaataatc acctctacaa gcaaatctcc 1620

agcgaatcgg gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680

tttgacttta acagattcca ctgtcacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740

aacaactggg gatttagacc caagaaactc aatttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 1800

gaggtcacgc agaatgatgg aaccacgacc atcgccaata accttaccag cacggtgcag 1860

gtcttcacag actctgagta ccagctgccc tacgtcctcg gttcggctca ccagggctgc 1920

cttccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg attcctcagt acggctactt gactctgaac 1980

aatggcagcc aagcggtagg acgttcttca ttctactgtc tagagtattt tccctctcag 2040

atgctgagga cgggaaacaa cttcaccttc agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 2100

agcagctacg cgcacagcca gagtctggat cggctgatga atcctctcat tgaccagtac 2160

ctgtattacc tgagcaaaac tcagggtaca agtggaacaa cgcagcaatc gagactgcag 2220

ttcagccaag ctgggcctag ctccatggct cagcaggcca aaaactggct accgggaccc 2280

agctaccgac agcagcgaat gtctaagacg gctaatgaca acaacaacag tgaatttgct 2340

tggactgcag ccaccaaata ttacctgaat ggaagaaatt ctctggtcaa tcccgggccc 2400

ccaatggcca gtcacaagga cgatgaggaa aagtatttcc ccatgcacgg aaatctcatc 2460

tttggaaaac aaggcacagg aactaccaat gtggacattg aatcagtgct tattacagac 2520

gaagaagaaa tcagaacaac taatcctgtg gctacagaac aatacggaca ggttgccacc 2580

aaccatcaga gtcaggacac cacagcttcc tatggaagtg tggacagcca gggaatctta 2640

cctggaatgg tgtggcagga ccgcgatgtc tatcttcaag gtcccatttg ggccaaaact 2700

cctcacacgg acggacactt tcatccttct ccgctcatgg gaggctttgg actgaaacac 2760

cctcctcccc agatcctgat caaaaacaca cctgtgccag cgaatcccgc gaccactttc 2820

actcctggaa agtttgcttc gttcattacc cagtattcca ccggacaggt cagcgtggaa 2880

atagagtggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga acccagaaat tcagtacacc 2940

tccaactaca acaagtcggt gaatgtggag tttaccgtgg acgcaaacgg tgtttattct 3000

gaaccccgcc ctattggcac tcgttacctt acccggaact tgtaatttcc tgttaatgaa 3060

taaaccgatt tatgcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttcgcggccg 3120

cta 3123

<210> 500

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 500

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

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

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Glu Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asp Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

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

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asp Thr Thr Ala Ser Tyr

580 585 590

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

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

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

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

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

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 501

<211> 3113

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 501

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga aaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggaaagat gaccgccaag gtcgtggaat 120

ctgccaaagc cattctgggt ggaagcaagg ttcgtgtgga ccagaaatgc aagtcttcgg 180

cccagatcga cccgactccg gtgattgtca cctctaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acggaaactc gaccaccttc gagcaccagc agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg 300

aacttacccg ccgtttggat catgactttg ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact 360

ttttccggtg ggctcaagat cacgtgactg aggtggagca tgagttctac gtcaaaaagg 420

gtggagccaa gaaaaggccc gcccccgatg atgtatatat aaatgagccc aagcgggcgc 480

gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcag acgcggaagc ttcgataaac tacgcggaca 540

ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg gcatgaatct gatgctgttt ccctgtcgac 600

aatgcgaaag aatgaatcag aattcaaata tctgcttcac acacgggcaa aaagactgtt 660

tggaatgctt tcccgtgtca gaatctcaac ccgttcctgt cgtcagaaaa acgtatcaga 720

aactttgtta cattcatcat atcatgggaa aagtaccaga cgcctgcact gcctgcgacc 780

tggtaaatgt ggacttggat gactgtattt ctgagcaata aatgacttaa atcaggtatg 840

gctgctgacg gttatcttcc agattggctc gaggacactc tctctgaagg aatcagacag 900

tggtggaagc tcaaacctgg cccaccaccg ccgaaaccta accaacaaca ccgggacgac 960

agtaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaaa 1020

ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaagc ctacgaccac 1080

cagctcaagc aaggggacaa cccgtacctc aaatacaacc acgcggacgc tgaatttcag 1140

gagcgtcttc aagaagatac gtctttcggg ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc 1200

aaaaagaggg tactcgagcc tcttggtctg gttgaggaag ctgttaagac ggctcctgga 1260

aaaaagagac ctatagagca gtctcctgca gaaccggact cttcctcggg catcggcaaa 1320

tcaggccagc agcccgctaa gaaaagactc aattttggtc agactggcga cacagagtca 1380

gtcccagacc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcagccc cctctggtgt gggatctaat 1440

acaatggctt caggcggtgg ggcaccaatg gcagacaata acgaaggcgc cgacggagtg 1500

ggtaattcct cgggaaattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agttatcacc 1560

accagcacaa gaacctgggc cctccccacc tacaataatc acctctacaa gcaaatctcc 1620

agcgaatcgg gagccaccaa cgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680

tttgacttta acagattcca ctgtcacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaat 1740

aacaactggg gatttagacc caagaaactc aatttcaagc tcttcaacat ccaagtcaag 1800

gaggtcacgc agaatgatgg aaccacgacc atcgccaata accttaccag cacggtgcag 1860

gtcttcacag actctgagta ccagctgccc tacgtcctcg gttcggctca ccagggctgc 1920

cttccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg attcctcagt acggctactt gactctgaac 1980

aatggcagcc aagcggtagg acgttcttca ttctactgtc tagagtattt tccctctcag 2040

atgctgagga cgggaaacaa cttcaccttc agctacactt ttgaagacgt gcctttccac 2100

agcagctacg cgcacagcca gagtctggat cggctgatga atcctctcat tgaccagtac 2160

ctgtattacc tgagcaaaac tcagggtaca agtggaacaa cgcagcaatc gagactgcag 2220

ttcaaccaag ctgggcctag ctccatggct cagcaggcca aaaactggct accgggaccc 2280

agctaccgac agcagcgaat gtctaagacg gctaatgaca acaacaacag tgaatttgct 2340

tggactgcag ccaccaaata ttacccgaat ggaagaaatt ctctggtcaa tcccgggccc 2400

ccaatggcca gtcacaagga cgatgaggaa aagtatttcc ccatgcacgg aaatctcatc 2460

tttggaaaac aaggcacagg aactaccaat gtggacattg aatcagtgct tattacagac 2520

gaagaagaaa tcagaacgac taatcctgtg gctacagaac aatacggaca ggttgccacc 2580

aaccgtcaga gtcagaacac cacagcttcc tatggaagtg tggacagcca gggaatctta 2640

cctggaatgg tgtggcagga ccgcgatgtc tatcttcaag gtcccatttg ggccaaaact 2700

cctcacacgg acggacactt tcatccttct ccgctcatgg gaggctttgg actgaaacac 2760

cctcctcccc agatcctgat caaaaacaca cctgtgccag cgaatcccgc gaccactttc 2820

actcctggaa agtttgcttc gttcattacc cagtattcca ccggacaggt cagcgtggaa 2880

atagagtggg agctgcagaa agaaaacagc aaacgctgga acccggaaat tcagtacacc 2940

tccaactaca acaagtcggt gaatgtggag tttaccgtgg acgcaaacgg tgtttattct 3000

gaaccccgcc ctattggcac tcgttacctt acccggaact tgtaatttcc tgttaatgaa 3060

taaaccgatt tatgcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttc 3113

<210> 502

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 502

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

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

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

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

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

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

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Asn Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Pro Asn Gly
500 505 510

Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn Arg Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr
580 585 590

Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 503

<211> 3122

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 503

agcggccgcg aattcgccct ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgaa aactttccct 60

tcaacgattg cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggaaagatg accgccaagg 120

tcgtggaatc tgccaaagcc attctgggtg gaagcaaggt tcgtgtggac cagaaatgca 180

ggtcttcggc ccagatcgac ccgactccgg tgattgtcac ctctaacacc aacatgtgcg 240

ccgtgattga cggaaactcg accaccttcg agcaccagca gccgttgcaa gaccggatgt 300

tcaaatttga acttacccgc cgtttggatc atgactttgg gaaggtcacc aagcaggaag 360

tcaaagactt tttccggtgg gctcaagatc acgtgactga ggtggagcat gagttctacg 420

tcaaaaaggg tggagccaag aaaaggcccg cccccgatga tgtatatata aatgagccca 480

agcgggcgcg cgagtcagtt gcgcagccat cgacgtcaga cgcggaagct tcgataaact 540

acgcggacag gtaccaaaac aaatgttctc gtcacgtggg catgaatctg atgctgtttc 600

cctgtcgaca atgcgaaaga atgaatcaga attcaaatat ctgcttcaca cacgggcaaa 660

aagactgttt ggaatgcttt cccgtgtcag aatctcaacc cgtttctgtc gtcagaaaaa 720

cgtatcagaa actttgttac attcatcata tcatgggaaa agtaccagac gcctgcactg 780

cctgcgacct ggtaaatgtg gacttggatg actgtatttc tgagcaataa atgacttaaa 840

tcaggtatgg ctgctgacgg ttatcttcca gattggctcg aggacactct ctctgaagga 900

atcagacagt ggtggaagct caaacctggc ccaccaccgc cgaaacctaa ccaacaacac 960

cgggacgaca gtaggggtct tgtgcttcct gggtacaagt acctcggacc cttcaacgga 1020

ctcgacaaag gagagccggt caacgaggca gacgccgcgg ccctcgagca cgacaaagcc 1080

tacgaccacc agctcaagca aggggacaac ccgtacctca aatacaacca cgcggacgct 1140

gaatttcagg agcgtcttca agaagatacg tctttcgggg gcaacctcgg gcgagcagtc 1200

ttccaggcca aaaagagggt actcgagcct cttggtctgg ttgaggaagc tgttaagacg 1260

gctcctggaa aaaagagacc tatagagcag tctcctgcag aaccggactc ttcctcgggc 1320

atcggcaaat caggccagca gcccgctaag aaaagactca attttggtca gactggcgac 1380

acagagtcag tcccagaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcagcccc ctctggtgtg 1440

ggatctaata caatggcttc aggcggtggg gcaccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtaattcctc gggaaattgg cattgcgatt ccacatggat gggcgacaga 1560

gttatcacca ccagcacaag aacctgggcc ctccccacct acaataatcg cctctacaag 1620

caaatctcca gcgaatcggg agccaccaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 1680

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcga 1740

ctcatcaaca acaactgggg atttagaccc aagaaactca atttcaagct cttcaacatc 1800

caagtcaagg aggtcacgca gaatgatgga accacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1860

acggtgcagg tcttcacaga ctctgagtac cagctgccct acgtcctcgg ttcggctcac 1920

cagggctgcc ttccgccgtt cccagcagac gtcttcatga ttcctcagta cggctacttg 1980

actctgaaca atggcagcca agcggtagga cgttcttcat tctactgtct agagtatttt 2040

ccctctcaga tgctgaggac gggaaacaac ttcaccttca gctacacttt tgaagacgtg 2100

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agtctggatc ggctgatgaa tcctctcatt 2160

gaccagtacc tgtattacct gagcaaaact cagggtacaa gtggaacaac gcagcaatcg 2220

agactgcagt tcagccaagc tgggcctagc tccatggctc agcaggccaa aaactggcta 2280

ccgggaccca gctaccgaca gcagcgaatg tctaagacgg ctaatgacaa caacaacagt 2340

gaatttgctt ggactgcagc caccaaatat tacctgaatg gaagaaattc tctggtcaat 2400

cccgggcccc caatggccag tcacaaggac gatgaggaaa agtatttccc catgcacgga 2460

aatctcatct ttggaaaaca aggcacagga actaccaatg tggacattga atcagtgctt 2520

attacagacg aagaagaaat cagaacaact aatcctgtgg ctacagaaca atacggacag 2580

gttgccacca accatcagag tcagaacacc acagcttcct atggaagtgt ggacagccag 2640

ggaatcttac ctggaatggt gtggcaggac cgcgatgtct atcttcaagg tcccatttgg 2700

gccaaaactc ctcacacgga cggacacttt catccttctc cgctcatggg aggctttgga 2760

ctgaaacacc ctcctcccca gatcctgatc aaaaacacac ctgtgccagc gaatcccgcg 2820

accactttca ctcctggaaa gtttgcttcg ttcattaccc agtattccac cggacaggtc 2880

agcgtggaaa tagagtggga gctgcagaaa gaaaacagca aacgctggaa cccagaaatt 2940

cagtacacct ccaactacaa caagtcggtg aatgtggagt ttaccgtgga cgcaaacggt 3000

gtttattctg aaccccgccc tattggcact cgttacctta cccggaactt gtaatttcct 3060

gttaatgaat aaaccgattt atgcgtttca gttgaacttt ggtctctgcg aagggcgaat 3120

tc 3122

<210> 504

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 504

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn Arg Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

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

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

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr

580 585 590

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

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Thr Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

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

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

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

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 505

<211> 3121

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 505

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60

acaagcaatt acagattacg ggtgaggtaa cgggtgccga tggggcgagg ctcagaataa 120

gtgccatctg tgttaacagc aaagtccaca tttgtagatt tgtagtagtt ggaagtgtat 180

tgaatctctg ggttccagcg tttgctgttt tctttctgca gctcccattc aatttccacg 240

ctgacctgtc cggtgctgta ctgcgtgatg aacgacgcca gcttagcttg actgaaggta 300

gttggaggat ccgcgggaac aggtgtattc ttaatcagga tctgaggagg cgggtgtttc 360

agtccaaagc cccccatcag cggcgaggga tgaaagtttc cgtccgtgtg aggaatcttg 420

gcccagatag gaccctgcag gtacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc aggtaaggct 480

ccttgactgt tgacggcccc tacaatagga gcggcgtttt gctgttgcag gttatcggcc 540

accacgccgt actgttctgt ggccactggg ttggtggttt taatttcttc ctcactggtt 600

agcataacgc tgctatagtc cacgttgcct tttccagctc cctgtttccc aaacattaag 660

actccgctgg acggaaaaaa tcgctcttcg tcgtccttgt gggttgccat agcgacaccg 720

ggatttacca gagagtctct gccattcaga tgatacttgg tggcaccggt ccaggcaaag 780

ttgctgttgt tattttgcga cagtgtcgtg gagacgcgtt gctgccggta gcagggcccg 840

ggtagccagt ttttggcctg agccgacatg ttattaggcc cggcctgaga aaatagcaac 900

tgctgagttc ctgcggtacc tcccgtggac tgagtccgag acaggtagta caggtactgg 960

tcgatgaggg ggttcatcag ccggtccagg ctttggctgt gcgcgtagct gctgtgaaaa 1020

ggcacgtcct caaactggta gctgaactca aagttgttgc ccgttctcag catttgagaa 1080

ggaaagtact ccaggcagta gaaggaggaa cggcccacgg cctgactgcc attgttcaga 1140

gtcaggtacc cgtactgagg aatcatgaag acgtccgccg ggaacggagg caggcagccc 1200

tggcgcgcag agccgaggac gtacgggagc tggtattccg agtccgtaaa gacctgaatc 1260

gtgctggtaa ggttattggc gatggtcttg gtgccttcat tctgcgtgac ctccttgacc 1320

tggatgttga agagcttgaa gttgagtctc ttgggccgga atccccagtt gttgttgatg 1380

agtcgctgcc agtcacgtgg tgagaagtgg cagtggaatc tgttaaagtc aaaatacccc 1440

caggggggtgc tgtagccgaa gtaggtgttg tcgttggtgc ttcctcccga agtcccgttg 1500

gagatttgct tgtagaggtg gttgttgtag gtggggaggg cccaggttcg ggtgctggtg 1560

gtgatgactc tgtcgcccag ccatgtggaa tcgcaatgcc aatttcctga ggaactaccc 1620

actccgtcgg cgccttcgtt attgtctgcc attggagcgc caccgcctgc agccattgta 1680

ccagatccca gaccagaggg gcctgcgggg ggttctccga ttggttgagg gtcgggcact 1740

gactctgagt cgccagtctg cccaaagttg agtctctttt tcgcgggctg ctggcctttc 1800

ttgccgatgc ccgtagtgga gtctggagaa cgctggggtg atggctctac cggtctcttc 1860

tttccaggag ccgtcttagc gccttcctca accagaccga gaggttcgag aacccgcttc 1920

ttggcctgga agactgctcg tccgaggttg cccccaaaag acgtatcttc ttgcagacgc 1980

tcctgaaact cggcgtcggc gtggttatac cgcaggtacg gattgtcacc cgctttgagc 2040

tgctggtcgt aggccttgtc gtgctcgagg gccgctgcgt ccgccgcgtt gacgggctcc 2100

cccttgtcga gtccgttgaa gggtccgagg tacttgtagc caggaagcac cagaccccgg 2160

ccgtcgtcct gcttttgctg gttggctttg ggcttcgggg ctccaggttt cagcgcccac 2220

cactcgcgaa tgccctcaga gaggttgtcc tcgagccaat ctggaagata accatcggca 2280

gccatacctg atctaaatca tttattgttc aaagatgcag tcatccaaat ccacattgac 2340

cagatcgcag gcagtgcaag cgtctggcac ctttcccatg atatgatgaa tgtagcacag 2400

tttctgatac gccttttga cgacagaaac gggttgagat tctgacacgg gaaagcactc 2460

taaacagtct ttctgtccgt gagtgaagca gatatttgaa ttctgattca ttctctcgca 2520

ttgtctgcag ggaaacagca tcagattcat gcccacgtga cgagaacatt tgttttggta 2580

cctgtccgcg tagttgatcg aagcttccgc gtctgacgtc gatggctgcg caactgactc 2640

gcgcacccgt ttgggctcac ttatatctgc gtcactgggg gcgggtcttt tcttggctcc 2700

acccttttg acgtagaatt catgctccac ctcaaccacg tgatcctttg cccaccggaa 2760

aaagtctttg acttcctgct tggtgacctt cccaaagtca tgatccagac ggcgggtgag 2820

ttcaaatttg aacatccggt cttgcaacgg ctgctggtgt tcgaaggtcg ttgagttccc 2880

gtcaatcacg gcgcacatgt tggtgttgga ggtgacgatc acgggagtcg ggtctatctg 2940

ggccgaggac ttgcatttct ggtccacgcg caccttgctt cctccgagaa tggctttggc 3000

cgactccacg accttggcgg tcatcttccc ctcctcccac cagatcacca tcttgtcgac 3060

acagtcgttg aagggaaagt tctcattggt ccagttgacg cagccgtaga agggcgaatt 3120

c 3121

<210> 506

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 506

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Leu

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe His Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys

145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr

165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser

180 185 190

Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala

195 200 205

Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys

210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr

225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr

245 250 255

Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala

370 375 380

Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met

405 410 415

Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe

450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln

465 470 475 480

Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495

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

500 505 510

Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser

515 520 525

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

530 535 540

Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu

545 550 555 560

Gly Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln

565 570 575

Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn

580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp

595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly

610 615 620

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

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala

645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg

675 680 685

Ser Lys Arg Arg Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn

690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu

705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 507

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 507

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

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

Lys Pro Asn Gln Gln His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

His Gln Leu Lys Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Gln Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

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

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

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

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Ser Gly Thr Thr Gln Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Gln Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Met Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Pro Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Gly Thr Thr Asn Val Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Gln Asn Thr Thr Ala Ser Tyr
580 585 590
Gly Ser Val Asp Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Glu Phe Thr Val Asp Ala Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 508

<211> 3127

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 508

gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat caaccggttt 60

attgattaac atgcaattac agattacggg tgaggtaacg agtgccaata gggcgaggct 120

cagagtaaac accctggctg tcaacggcaa agtccacacc agtctgcttt tcaaagttgg 180

aggtgtactg aatctccggg tcccagcgct tgctgttttc cttctgcagc tcccactcga 240

tttccacgct gacttgtccg gtgctgtact gtgtgatgaa cgaagcaaac ttggcaggag 300

taaacacctc cggaggatta gcgggaacgg gagtgttctt gatcaggatc tgaggaggcg 360

gatgtttaag tccaaagccg cccatcaaag gagacgggtg aaagttgcca tccgtgtgag 420

gaatcttggc ccagatggga ccctgcaggt acacgtcccg gttctgccag accatgccag 480

gtaaggctcc ctggttgttg acaacttgtg tctgggctgc agtattagcc gcttgtaagt 540

tgctgctgac tatcccgtat tcttccgtgg ctacaggatt agtaggacga atttcttctt 600

catttgtcat taacacattt tccaatgtag ttttgttagt tgctccagtt tttccaaaaa 660

tcaggactcc gctggatggg aaaaagcggt cctcgtcgtc cttgtgagtt gccatggcga 720

cgccgggatt aaccaacgag tttctgccgt tcaggtgata tttggtggca ccagtccaag 780

caaagttgct gttgttgttt tgatccagcg ttttggagac cctttgttgc cggaagcagg 840

gtccaggtaa ccaattcttg gcttgttcgg ccatagttga aggcccgccc tggtaaaact 900

gcagttcccg attgccagct gtgcctcctg ggtcactctg tgttctggcc aggtagtaca 960

agtactggtc gatgagggga ttcatcagcc ggtccaggct ctggctgtgt gcgtagctgc 1020

tgtggaaagg cacgtcctcg aagctgtagc tgaactcaaa gttgttgccc gttctcagca 1080

tctgagaggg gaagtactcc aggcagtaga aggaggaacg tcccacagac tgactgccat 1140

tgttgagagt caggtagccg tactgaggaa tcatgaagac gtccgccggg aacggaggca 1200

ggcagccctg gtgcgcagag ccgaggacgt acggcagctg gtattccgag tccgagaata 1260

cctgaatcgt gctggtaagg ttattagcga tggtcgtaac gccgtcattc gtcgtgacct 1320

ccttgacctg gatgttgaag agcttgaacc gcagcttctt gggccggaat ccccagttgt 1380

tgttgatgag tcgctgccag tcacgtggtg agaagtggca gtggaatctg ttaaagtcaa 1440

aataccccca gggggtgctg tagccgaagt aggtgttgtc gttggtacta cctgcagttt 1500

cactggagat ttgctcgtag aggtggttgt tgtaggtggg cagggcccag gttcgggtgc 1560

tggtggtaat gactctgtcg cccagccatg tggaatcgca atgccaattt cctgaggcat 1620

tacccactcc gtcggcacct tcgttattgt ctgccattgg tgcgccaccg cctgcagcca 1680

ctgtaccaga tcccacacta gagggcgctg ctggaggttc tccgagaggt tgagggtcgg 1740

ggactgactc tgagtcgcca gtctgaccga aattgagtct ctttctggcg ggctgctggc 1800

ccttcttgcc gatgcccgtg gaggagtcgg gggaacgctg aggtgacggc tctaccggtc 1860

tcttctttgc aggagccgtc ttagcgcctt cctcaaccag accgagaggt tcgagaaccc 1920

gcttcttggc ctggaagact gctcgcccga ggttgccccc aaatgacgta tcttcttgca 1980

gacgctcctg aaactcggcg tcggcgtggt tataccgcag gtacgggttg tcacccgcat 2040

tgagctgctg gtcgtaggcc ttgtcgtgct cgagggccgc tgcgtccgcc gcgttgacgg 2100

gctccccctt gtcgagtccg ttgaagggtc cgaggtactt gtagccagga agcaccagac 2160

cccggccgtt gtcctgcttt tgctggttgg ctttgggttt cggggctcca ggtttcaggt 2220

cccaccactc gcgaatgccc tcagagaggt tgtcctcgag ccaatctgga agataaccat 2280

cggcagccat acctgattta aatcatttat tgttcaaaga tgcagtcatc caaatccaca 2340

ttgaccagat cgcaggcagt gcaagcgtct ggcacctttc ccatgatatg atgaatgtag 2400

cacagtttct gatacgcctt tttgacgaca gaaacgggtt tagattctga cacgggaaag 2460

cactctaaac agtctttctg tccgtgagtg aagcagatat ttgaattctg attcattctc 2520

tcgcattgtc tgcagggaaa cagcatcaga ttcatgccca cgtgacgaga acatttgttt 2580

tggtacctgt ctgcgtagtt gatcgaagct tccgcgtctg acgtcgatgg ctgcgcaact 2640

gactcgcgca cccgtttggg ctcacttata tctgcgtcac tgggggcggg tcttttcttg 2700

gctccaccct ttttgacgta gaattcatgc tccacctcaa ccacgtaatc ctttgcccac 2760

cggaaaaagt ctttgacttc ctgcttggtg accttcccaa agtcatgatc cagacggcgg 2820

gtgagttcaa atttgaacat ccggtcttgc aacggctgct ggtgttcgaa ggtcgttgag 2880

ttcccgtcga tcacggcgca catgttggtg ttggagatga cgatcgcggg agtcgggtct 2940

atctgggccg aggacttgca tttctggtcc acgcgcacct tgcttcctcc gagaatggct 3000

ttggccgact ccacgacctt ggcggtcatc ttcccctcct cccaccagat caccatcttg 3060

tcgacacagt cgttgaaggg aaagttctca ttggtccagt tgacgcagcc gtagaaaggg 3120

cgaattc 3127

<210> 509

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 509

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Arg Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

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

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Ser Tyr Ser

260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Val His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

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

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Cys Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 510

<211> 3106

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 510

gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat caaccggttt 60

attgattaac aagtaattac aggttacggg tgaggtaacg ggtgccaatg gggcgaggct 120

cagtataaac cccttcgttg ttgacagcaa attccacatt attagacttg gcataatttg 180

aggtgtactg aatctctgga ttccagcgtt tgctgttttc tttctgcagt tcccactcga 240

tctccacgct gacctggccg gtgctgtact gcgtgataaa tgaggcaaac ttggcaggag 300

taaacacctc tggaggatta gcaggtaccg gggtgttttt gatgagaatt tgaggaggcg 360

ggtgtttgag tccaaatccg cccatcaggg gagacgggtg aaagttgccg tccgtgtgag 420

gaattttggc ccagatggga ccctgcaggc acacgtcccg gttctgccag accatgccgg 480

gcagagcccc ctggctgttg acagtctgtg tctggggtcc ggccgtagac gattgcaggt 540

tgctggagac cacaccgtat tcttctgtag ccacgggatt ggtggttttg atctcctcct 600

cgctggtcat tagcacgttt tccagcgttg tcttgttggc agcccccgtt ttgccaaaaa 660

ccagcactcc gttgatggga aagaactggt cctcgtcgtc cttgttggtg gccatggcta 720

cgcccgggtt ggttaatgaa tttctaccat tcagatggta tttagtggcc ccggtccagg 780

caaagttact gttgttgttg ctgtctatgt tttttgacag tctctgctgc cgataacagg 840

gtccgggcag ccagttcttt gattgctcgg ccatggtgtt gggcccagcc tgatggaact 900

gcagctccct tgtggacccc gtagtgctct gggtccgggc caggtagtac aggtactggt 960

cgatgagggg attcatcagc cggtctaggc tctggctgtg cacatagctg ctgtggaaag 1020

gcacttcctc aaaggtgtag ctgaattcaa agttattgcc cgttctcagc atctgagaag 1080

gaaagtactc caggcagtag aaggaggaac gtcccacaga ctgactgccg ttgtttagag 1140

tcagatatcc gtactgagga atcatgaaca cgtccgcagg gaacggaggg aggcagccct 1200

ggtgcgcaga gccgaggacg tacggcagtt ggtactccga gtccgagaag acctgaatcg 1260

tgctggtaag gttattagcg atggtcgtaa cgccgtcgtt cgtcgtgacc tccttgacct 1320

ggatgttgaa caacttgaac cgcagctttc tgggccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380

gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttgaagtca aaatagcccc 1440

aggggggtgct gtagctgaag aagtggttgt cgttggtagc cccgctctga cttgatatct 1500

gcttgtagag gtggttgttg taggtgggca gggcccaggt gcgggtgctg gtggtgatga 1560

ctctgtcgcc cagccatgtg gaatcgcaat gccaatttcc ggaggcatta cccactccgt 1620

cggcgccttc gttattgtct gccattggtg cgccaccgcc tgcagccatt gtaccagatc 1680

ccagacctga gggcgcggcg ggaggttctc cgagaggttg ggggtcgggc actgactctg 1740

agtcgccagt ctgcccaaag ttgagcttct ttttagcggg ctgctggcct ttcttgccga 1800

tgcccgtgga ggagtcgggg gattctatgg gtctcttctt tccaggagcc gtcttagcga 1860

cttcctcaac cagaccgaga ggttcgagaa cccgcttctt ggcctggaag actgctcgcc 1920

cgaggttgcc cccaaaagac gtatcttctt gaagacgctc ctgaaactcg gcgtcggcgt 1980

ggttgtactt gaggtacggg ttgtcccccc gctcgagctg cttgtcgtag gccttgtcgt 2040

gctcgagggc cgcggcgtct gcctcgttga ccggctctcc cttgtcgagt ccgttgaagg 2100

gtctgaggta cttgtagcca ggaagcacca gaccccggcc gtcgtcctgc ttttgctggt 2160

tggctttggg tttcggggct ccaggtttca agtcccacca ctcgcgaatg ccctcagaga 2220

ggttgtcctc gagccaatct ggaagataac catcggcagc catacctggt ttaagtcatt 2280

tattgctcag aaacacagtc atccaggtcc acgttgacca gatcgcaggc cgagcaagca 2340

atctcgggag cccgccccag cagatgatga atggcacaga gtttccgata cgtcctcttt 2400

ctgacgaccg gttgagattc tgacacgccg gggaaacatt ctgaacagtc tctggtcccg 2460

tgcgtgaagc aaatgttgaa attctgattc actctctcgc atgtcttgca gggaaacagc 2520

atctgaagca tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttggt acctgtcggc aaagtccacc 2580

ggagctcctt ccgcgtctga cgtcgatgga ttcgcgactg aggggcaggc ccgcttgggc 2640

tcgcttttat ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ccccaccctt tctgacgtag 2700

aacccatgcg ccacctcggt cacgtgatcc tgcgcccagc ggaagaacct tttgacttcc 2760

tgctttgtca ccttgccaaa gttatgctcc agacggcggg tgggttcaaa tttgaacatc 2820

cggtcctgca acggctgctg gtgctcgaag gtggcgctgt tcccgtcaat cacggcgcac 2880

atgttggtgt tggaggtgac ggtcacgggg gtggggtcga tctgggcgga cgacttgcac 2940

ttttggtcca cgcgcacctt gctgccgccg agaatggcct tggcggactc cacgaccttg 3000

gccgtcatct tgccctcctc ccaccagatc accatcttgt cggcgcaatc gttgaaggga 3060

aagttctcat tggtccagtt gacgcagccg tagaaagggc gaattc 3106

<210> 511

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 511

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

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Ser Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Cys Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Val

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Leu
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Arg Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Glu Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 512

<211> 3102

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 512

gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat caaccggttt 60

attgattaac aagtaattac aggttacggg tgaggtaacg ggtgccaatg gggcgaggct 120

cagtataaac cccttcgttg ttgacagcaa attccacatt attagacttg gcataatttg 180

aggtgtactg aatctctgga ttccagcgtt tgctgttttc tttctgcagt tcccactcga 240

tctccacgct gacctggccg gtgctgtact gcgtgataaa tgaggcaaac ttggcaggag 300

taaacacctc tggaggatta gcaggtaccg gggtgttttt gatgagaatt tgaggaggcg 360

ggtgtttgag tccaaatccg cccatcaggg gagacgggtg aaagttgccg tccgtgtgag 420

gaatttcggc ccagatggga ccctgcaggt acacgtcccg gttctgccag accatgccgg 480

gcagagcccc ctggctgttg acagtctgtg tccggggtcc ggccgtagac gattgcaggt 540

tgctggagac cacaccgtat tcttctgtag ccacgggatt ggtggttttg atctcctcct 600

cgctggtcat tagcacgttt tccagcgttg tcttgttggc agcccccgtt ttgccaaaaa 660

ccagcactcc gttgatggga aggaactggt cctcgtcgtc cttgttggtg gccatggcta 720

cgcccgggtt ggttaatgaa tttctaccat tcagatggta tttagtggcc ccggtccagg 780

caaagttact gttgttgttg ctgtctatgt tttttgacag tctctgctgc cgataacagg 840

gtccgggcag ccagttcttt gattgctcgg ccacggtgtt gggcccagcc tgatggaact 900

gcagctccct tgtggacccc gtagtgctct gggtccgggc caggtagtac aggtactggt 960

cgatgagggg attcatcagc cggtccaggc tctggctgtg cgcatagctg ctgtggaaag 1020

gcacttcctc aaaggtgtag ctgaattcaa agttattgcc cgttctcagc atctgagaag 1080

gaaagtactc caggcagcag aaggaggaac gtcccacaga ctgactgccg ttgtttagag 1140

tcagatatcc gtactgagga atcatgaaca cgtccgcagg gaacggaggg aggcagccct 1200

ggtgcgcaga gccgaggacg tacggcagtt ggtactccga gtccgagaag acctgaatcg 1260

tgctggtaag gttattagcg atggtcgtaa cgccgtcgtt cgtcgtgacc tccttgacct 1320

ggatgttgaa caacttgaac cgcagctttc tgggccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380

gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttgaagtca aaatagcccc 1440

agggggtgct gtagccgaag aagtggttgt cgttggtagc cccgctctga cttgatatct 1500

gcttgtagag gtggttgttg taggtgggca gggcccaggt gcgggtgctg gtggtgatga 1560

ctctgtcgcc cagccatgtg gaatcgcaat gccaatttcc ggaggcatta cccactccgt 1620

cggcgccttc gttattgtct gccattggtg cgccaccgcc tgcagccatt gtaccagatc 1680

ccagacctga gggcgcggcg ggaggttctc cgagaggttg ggggtcgggc actgactctg 1740

agtcgccagt ctgcccaaag ttgagcttct ttttagcggg ctgctggcct ttcttgccga 1800

tgcccgtgga ggagtcgggg gattctatgg gtctcttctt tccggaagcc gtcttagcgc 1860

cttcctcaac cagaccgaga ggttcgagaa cccgcttctt ggcctggaag actgctcgcc 1920

cgaggttgcc cccaaaagac gtatcttctt gaagacgctc ctgaaactcg gcgtcggcgt 1980

ggttgtactt gaggtacggg ttgtcccccc gctcgagctg cttgtcgtag gccttgtcgt 2040

gctcgagggc cgcggcgtct gcctcgttga ccggctctcc cttgtcgagt ccgttgaagg 2100

gtccgaggta cttgtagcca ggaagcacca gaccccggcc gtcgtcctgc ttttgctggt 2160

tggctttggg tttcggggct ccaggtttca agtcccacca ctcgcgaatg ccctcagaga 2220

ggttgtcctc gagccaatct ggaagataac catcggcagc catacctggt ttaagtcatt 2280

tattgctcag aaacacagtc atccaggtcc acgttgacca gatcgcaggc cgagcaagca 2340

atctcgggag cccgccccag cagatgatga atggcacaga gtttccgata cgtcctcttt 2400

ctgacgaccg gttgagattc tgacacgccg gggaaacatt ctgaacagtc tctggtcccg 2460

tgcgtgaagc aaatgttgaa attctgattc attctctcgc atgtcttgca gggaaacagc 2520

atctgaagca tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttggt acctgtcggc aaagtccacc 2580

ggagctcctt ccgcgtctga cgtcgatgga tccgcgactg aggggcaagc ccgcttgggc 2640

tcgcttttat ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ctccaccctt tctgacgtag 2700

aactcatgcg ccacctcggt cacgtgatcc tgcgcccagc ggaagaactc tttgacttcc 2760

tgctttgtca ccttgccaaa gtcatgctcc agacggcggg tgagttcaaa tttgaacatc 2820

cggtcttgta acggctgctg gtgctcgaag gtggtgctgt tcccgtcaat cacggcgcac 2880

atgttggtgt tggaagtgac gatcacgggg gtgggatcga tctgggcgga cgacttgcac 2940

ttttggtcca cgcgcacctt gctgccgccg agaatggcct tggcggactc cacgaccttg 3000

gccgtcatct tgccctcctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatc gttgaaggga 3060

aagttctcat tggtccagtt gacgcagccg aagggcgaat tc 3102

<210> 513

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 513

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

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln
145 150 155 160
Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

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

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 514

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 514

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Gly Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln
145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

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

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

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

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700
Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 515

<211> 3106

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 515

gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat cagccggttt 60

attgattaac aagtaattac aggttacggg tgaggtaacg ggtgccaatg gggcgaggct 120

cagtataaac cccttcgttg ttgacagcaa attccacatt attagacttg gcataatttg 180

aggtgtactg aatctctgga ttccagcgtt tgctgttttc tttctgcagt tcccactcga 240

tctccacgct gacctggccg gtgctgtact gcgtgataaa tgaggcaaac ttggcaggag 300

taaacacctc tggaggatta gcaggtaccg gggtgttttt gatgagaatt tgaggaggcg 360

ggtgtttgag tccaaatccg cccatcaggg gagacgggtg aaagttgccg tccgtgtgag 420

gaattttggc ccagatggga ccctgcaggt acacgtcccg gttctgccag accatgccgg 480

gcagagcccc ctggctgttg acagtctgtg tctggggtcc ggccgtagac gattgcaggt 540

tgctggagac cacaccgtat tcttctgtag ccacgggatt ggtggttttg atctcctcct 600

cgctggtcat tagcacgttt tccagcgttg tcttgttggc agcccccgtt ttgccaaaaa 660

ccagcactcc gttgatggga aagaactggt cctcgtcgtc cttgttggtg gccatggcta 720

cgcccgggtt ggttaatgaa tttctaccat tcagatggta tttagtggcc ccggtccagg 780

caaagttact gttgttgttg ctgtctatgt tttttgacag tctctgctgc cgataacagg 840

gtccgggcag ccagttcttt gattgctcgg ccatggtgtt gggcccagcc tgatggaact 900

gcagctccct tgtggacccc gtagtgctct gggtccgggc caggtagtac aggtactggt 960

cgatgagggg attcatcagc cggtccaggc tctggctgtg cgcatagctg ctgtggaaag 1020

gcacttcctc aaaggtgtag ctgaattcaa agttatcgcc cgttctcagc atctgagaag 1080

gaaagtactc caggcagtag aaggaggaac gtcccacaga ctgactgccg ttgtttagag 1140

tcagatatcc gtactgagga atcatgaaca cgtccgcagg gaacggaggg aggcagccct 1200

ggtgcgcaga gccgaggacg tacggcagtt ggtactccga gtccgagaag acctgaatcg 1260

tgctggtaag gttattagcg atggtcgtaa cgccgtcgtt cgtcgtgacc tccttgacct 1320

ggatgttgaa caacttgaac cgcagctttc tgggccggaa tccccagttg ttgttgatga 1380

gtcgctgcca gtcacgtggt gagaagtggc agtggaatct gttgaagtca aaatagcccc 1440

aggggggtgct gtagccgaag aagtggttgt cgttggtagc cccgctctga cttgatatct 1500

gcttgtagag gtggttgttg taggtgggca gggcccaggt gcgggtgctg gtggtgatga 1560

ctctgtcgcc cagccatgtg gaatcgcaat gccaatttcc ggaggcatta cccactccgt 1620

cggcgccttc gttattgtct gccattggtg cgccaccgcc tgcagccatt gtaccagatc 1680

ccagacctga gggcgcggcg ggaggttctc cgagaggttg ggggtcgggc actgactctg 1740

agtcgccagt ctgcccaaag ttgagcttct ttttagcggg cggctggccg ttcttgccga 1800

tgcccgtgga ggagtcgggg gattctatgg gtctcttctt tccaggagcc gtcttagcgc 1860

cttcctcaac cagaccgaga ggttcgagaa cccgcttctt ggcctggaag actgctcgcc 1920

cgaggttgcc cccaaaagac gtatcttctt gaagacgctc ctgaaactcg gcgtcggcgt 1980

ggttgtactt gaggtacggg ttgtcccccc gctcgagctg cttgtcgtag gccttgtcgt 2040

gctcgagggc cgcggcgtct gcctcgttga ccggctctcc cttgtcgagt ccgttgaagg 2100

gtccgaggta cctgtagcca ggaagcacca gaccccggcc gtcgtcctgc ttttgctggt 2160

tggctttggg tttcggggct ccaggtttca agtcccacca ctcgcgaatg ccctcagaga 2220

ggttgccctc gagccaatct ggaagataac catcggcagc catacctggt ttaagtcatt 2280

tattgctcag aaacacagtc atccaggtcc acgttggcca gatcgcaggc cgagcaagca 2340

atctcgggag cccgccccag cagatgatga atggcacaga gtttccgata cgtcctcttt 2400

ctgacgaccg gttgagattc tgacacgccg gggaaacatt ctgaacagtc tctggtcccg 2460

tgcgtgaagc aaatgttgaa attctgattc attctctcgc atgtcttgca ggggaacagc 2520

atctgaagca tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttggt acctgtcggc aaagtccacc 2580

ggagctcctt ccgcgtctga cgtcgatgga tccgcgactg aggggcaggc ccgcttgggc 2640

tcgcttttat ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ctccacccttt tctgacgtag 2700

aactcatacg ccacctcggt cacgtgatcc tgcgcccagc ggaagaactc tttgacttcc 2760

tgctttgtca ccttgccaaa gtcatgctcc agacggcggg tgagttcaaa tttgaacatc 2820

cggtcttgta acggctgctg gtgctcgaag gtggtgctgt tcccgtcaat cacggcgcac 2880

atgttggtgt tggaagtgac gatcacgggg gtgggatcga tctgggcgga cgacttgcac 2940

ttttggtcca cgcgcacctt gctgccgccg agaatggcct tggcggactc cacgaccttg 3000

gccgtcatcc tgccctcctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatc gttgaaggga 3060

aagttctcat tggtccagtt gacgcagccg tagaaagggc gaattc 3106

<210> 516

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 516

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

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

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

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

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Gly Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Gly Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Leu Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 517

<211> 3098

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 517

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60

acaagtaatt acaggttacg ggtgaggtaa cgggtgccaa tggggcgagg ctcagtataa 120

acccccttcgt tgttgacagc aaattccaca ttattagact tggcataatt tgaggtgtac 180

tgaatctctg gattccagcg tttgctgttt tctttctgca gttcccactc gatctccacg 240

ctgacctggc cggtgctgta ctgcgtgata aatgaggcaa actaggcagg agtaaacacc 300

cctggaggat tagcaggtac cggggtgttt ttgatgagaa tttgaggagg cgggtgtttg 360

agtccaaatc cgcccatcag gggagacggg tgaaagttgc cgtccgtgtg aggaattttg 420

gcccagatgg gaccctgcag gtacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc gggcagagcc 480

ccctggctgt tgacagtctg tgtctggggt ccggccgtag acgattgcag gttgctggag 540

accacaccgt attcttctgt agccacggga ttggtggttt tgatctcctc ctcgctggtc 600

attagcacgt tttccagcgt tgtcttgttg gcagcccccg ttttgccaaa aaccagcact 660

ccgttgatgg gaaagaactg gccctcgtcg tccttgttgg tggccatggc tacgcccggg 720

ttggttaatg aatttctacc attcagatgg tatttagtgg ccccggtcca ggcaaagtta 780

ctgttgttgt tgctgtctat gttttttgac agtctctgct gccgataaca gggtccgggc 840

agccagttct ttgattgctc ggccatggtg ttgggcccag cctgatggaa ctgcagctcc 900

cttgtggacc ccgtagtgct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgagg 960

ggattcatca gccggtccag gctctggctg tgcgcatagc tgctgtggaa aggcacttcc 1020

tcaaaggtgt agctgaattc aaagttattg cccgttctca gcatctgaga aggaaagtac 1080

tccaggcagt agaaggagga acgtcccata gactgactgc cgttgtttag agtcagatat 1140

ccgtactgag gaatcatgaa cacgtccgca gggaacggag ggaggcagcc ctggtgcgca 1200

gagccgagga cgtacggcag ttggtactcc gagtccgaga agacctgaat cgtgctggta 1260

aggttattag cgatggtcgt aacgccgtcg ttcgtcgtga cctccttgac ctggatgttg 1320

aacaacttga accgcagctt tctgggccgg aatccccagt tgttgttgat gagtcgctgc 1380

cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaat ctgttgaagt caaaatagcc ccaggggtg 1440

ctgtagccga agaagtggtt gtcgttggta gccccgctct gacttgatat ctgcttgtag 1500

aggtggttgt tgtaggtggg cagggcccag gtgcgggtgc tggtggtgat gactctgtcg 1560

cccagccatg tggaatcgca atgccaattt ccggaggcat tacccactcc gtcggcgcct 1620

tcgttattgt ctgccattgg tgcgccaccg cctgcagcca ttgtaccaga tcccagacct 1680

gagggcgcgg cgggaggttc tccgagaggt tgggggtcgg gcactgactc tgagtcgcca 1740

gtctgcccaa agttgagctt ctttttagcg ggctgctggc ctttcttgcc gatgcccgtg 1800

gaggagtcgg gggattctat gggtctcttc tttccaggag ccgtcttagc gccttcctca 1860

accagaccga gaggttcgag aacccgcttc ttggcctgga agactgctcg cccgaggttg 1920

cccccaaaag acgtatcttc ttgaagacgc tcctgaaact cagcgtcggc gtggttgtac 1980

ttgaggtacg ggttgtcccc ctgctcgagc tgcttgtcgt aggccttgtc gtgctcgagg 2040

gccgcggcgt ctgcctcgtt gaccggctct cccttgtcga gtccgttgaa gggtccgagg 2100

tacttgtagc caggaagcac cagaccccgg ccgtcgtcct gcttttgctg gttggctttg 2160

ggtttcgggg ctccaggttt caagtcccac cactcgcgaa tgccctcaga gaggttgtcc 2220

tcgagccaat ctggaagata accatcggca gccatacctg gtttaagtca tttattgctc 2280

agaaacacag tcatccaggt ccacgttgac cagatcgcag gccgagcaag caatctcggg 2340

agcccgcccc agcagatgat gaatggcaca gagtttccga tacgtcctct ttctgacgac 2400

cggttgagat tctgacacgc cggggaaaca ttctgaacag tctctggtcc cgtgcgtgaa 2460

gcaaatgttg aaattctgat tcattctctc gcatgtcttg cagggaaaca gcatctgaag 2520

catgcccgcg tgacgagaac atttgttttg gtacctgtcg gcaaagtcca ccggagctcc 2580

ttccgcgtct gacgtcgatg gatccgcgac tgaggggcag gcccgcttgg gctcgctttt 2640

atccgcgtca tcgggggcgg gcctcttgtt ggctccaccc tttctgacgt agaactcatg 2700

cgccacctcg gtcacgtgat cctgcgccca gcggaagaac tctttgactt cctgctttgt 2760

caccttgcca aagtcctgct ccagacggcg ggtgagttca aatttgaaca tccggtcttg 2820

taacggctgc tggtgctcga aggtggtgct gttcccgtca atcacggcgc acatgttggt 2880

gttggaagtg acgatcacgg gggtgggatc gatctgggcg gacgacttgc acttttggtc 2940

cacgcgcacc ttgctgccgc cgagaatggc cttggcggac tccacgacct tggccgtcat 3000

cttgccctcc tcccaccaga tcaccatctt gtcgacgcaa tcgttgaagg gaaagttctc 3060

attggtccag ttgacgcagc cgtagaaagg gcgaattc 3098

<210> 518

<211> 2187

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 518

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgagggca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaacggccag 480

ccgcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 540

ccccaacctc tcggagaacc tcccgccgcg ccctcaggtc tgggatctgg tacaatggct 600

gcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 660

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 720

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 780

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 840

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 900

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 960

acgaacgacg gcgttacgac catcgctaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1020

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1080

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1140

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1200

acgggcgata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1260

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1320

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1380

cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1440

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1500

aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1560

aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1620

gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1680

accaatcccg tggctacaga agaatacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1740

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc cagggggctc tgcccggcat ggtctggcag 1800

aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 1860

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 1920

atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 1980

tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2040

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2100

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2160

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaa 2187

<210> 519

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 519

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Gly Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln
145 150 155 160
Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asp Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

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

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 520
<211> 728
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 520
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

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

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

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

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asp Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 521

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 521

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

```
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Asn Gly Gln
145                 150                 155                 160
Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
                165                 170                 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
            180                 185                 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
        195                 200                 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
    210                 215                 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225                 230                 235                 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
                245                 250                 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
            260                 265                 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
        275                 280                 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
    290                 295                 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305                 310                 315                 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
                325                 330                 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
```

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr

435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met

450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn

500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe

515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys

530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560

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

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 522

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 522

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Pro Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

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

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350

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

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 523

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 523

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 524
<211> 2215
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 524
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020
accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080
cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140
acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200
ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260
cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320
gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacgac aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440
ccaggaccct gttaccgcca gcagcgagta tcaaagacat ctgcggataa caacaacagt 1500
gaatactcgt ggactggagc taccaagtac cacctcaatg gcagagactc tctggtgaat 1560
ccgggcccgg ccatggcaag ccacaaggac gatgaagaaa agtttttttc ctcagagcgg 1620
ggttctcatc tttgggaagc aaggctcaga gaaaacaaat gtggacattg aaaaggtcat 1680
gattacagac gaagaggaaa tcaggacaac caatcccgtg gctacggagc agtatggttc 1740
tgtatctacc aacctccaga gaggcaacag acaagcagct accgcagatg tcaacacaca 1800

aggcgttctt ccaggcatgg tctggcagga cagagatgtg taccttcagg ggcccatctg 1860

ggcaaagatt ccacacacgg acggacattt tcacccctct cccctcatgg gtggattcgg 1920

acttaaacac cctccgcctc agatcctgat caagaacacg cctgtacctg cggatcctcc 1980

gaccaccttc aaccagtcaa agctgaactc tttcatcacc cagtattcta ctggccaagt 2040

cagcgtggag atcgagtggg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgctgga accccgagat 2100

ccagtacacc tccaactact acaaatctac aagtgtggac tttgctgtta atacagaagg 2160

cgtgtactct gaaccccgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtaatc tgtaa 2215

<210> 525

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

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

<400> 525

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

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

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

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

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

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Lys Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His

515 520 525

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

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met

545 550 555 560

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

565 570 575

Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala

580 585 590

Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

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

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 526
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 526
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Lys Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp
485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His
515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met
545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Gln Gly Asn Thr Gln Ala

580 585 590

Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

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

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

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

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 527

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

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

<400> 527

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

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

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

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

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

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

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Gln Gly Asn Thr Gln Ala
580 585 590

Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 528
<211> 729
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 528

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

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

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Thr Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

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

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

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

420 425 430
Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
435 440 445
Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
450 455 460
Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
465 470 475 480
Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala

485 490 495

Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr

500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe

515 520 525

Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn

530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys

545 550 555 560

Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn

565 570 575

Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln

580 585 590

Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln

595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro

610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Glu His Pro Pro Pro Gln Ile

625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr

645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp

675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val

690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 529

<211> 3075

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 529

tgagaacttt cctttcaacg attgcgtcgg acaagatggt gatctggtgg gaggagggga 60

agatgaccgc caaggtcgtg gagtcggcca aagccattct tggaggaagc aaggtgcgtg 120

tggaccagaa atgcaagtcc tcggcccaga tagacccgac tcccgtgatc gtcacctcca 180

acaccaacat gtgcgccgtg attgacggga actcaacgac cttcgagcac cagcagccgt 240

tgcaagaccg gatgttcaaa tttgaactta cccgccgtct ggatcatgac tttggaaagg 300

tcaccaagca ggaagtgaaa gacttttcc ggtgggcaaa ggatcacgtg gttgaggtgg 360

agcatgaatt ctacgtcaaa aagggtggag ctaagaaaag acccgccccc agtgacgcag 420

atataagtga gcccaaacgg gcgcgcgagt cagttgcgca gccatcaacg tcagacgcgg 480

aagcttcgat caactacgcg gacaggtacc aaaaacaaat gttctcgtca cgtgggcatg 540

aatctgatgc tgtttccctg cagacaatgc gagagaatga atcagaattc aaatatctgc 600

ttcactcacg gacagaaaga ctgtttagag tgctttcccg tgtcagaatc tcaacccgtt 660

tctgtcgtca aaaaggcgta tcagaaactg tgctacattc atcatatcat gggaaaggtg 720

ccagacgctt gcactgcctg cgatctggtc aatgtggatt tggatgactg catctctgaa 780

caataaatga tttaaatcag gtatggctgc cgatggttat cctccagatt ggctcgagga 840

cactctctct gaagggataa gacagtggtg gaagctcaaa cctggcccac caccaccaaa 900

gcccgcagag cggcataagg acgacagcag gggtcttgtg cttcctgggt acaagtacct 960

cggacccttc aacggactcg acaaggggga gccggtcaac gaggcagacg ccgcggccct 1020

cgagcacgac aaggcctacg accggcagct cgacagcgga gacaacccgt acctcaagta 1080

caaccacgcc gacgcagagt ttcaggagcg ccttaaagaa gatacgtctt ttgggggcaa 1140

cctcggacga gcagtcttcc aggcgaaaaa gagggttctt gaacctctgg gcctggttga 1200

ggaacctgtt aagacggctc cgggaaaaaa gaggccggta gagcactctc ctgtggagcc 1260

agactcctcc tcgggaaccg gaaaagcggg ccagcggcct gcaagaaaaa gattaaattt 1320

tggtcagact ggagacgcag actccgtacc tgacccccag cctctcggac agccaccagc 1380

agcccccctct ggtctgggat ctactacaat ggctacaggc agtggcgcac caatggcaga 1440

caataacgag ggtgccgatg gagtgggtaa ttcctcagga aattggcatt gcgattccca 1500

atggctgggc gacagagtca tcaccaccag cacccgaacc tgggccctgc ccacatacaa 1560

caaccacctc tacaagcaaa tctccagcca atcaggagcc agcaacgaca accactactt 1620

tggctacagc acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttttcacc 1680

acgtgactgg caaagactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaaa gactcaactt 1740

caagctcttt aatattcaag tcaaagaggt cacgcagaat gacggtacga cgacgattgc 1800

caataacctt accagcacgg ttcaggtgtt tactgactcg gagtaccagc tcccgtacgt 1860

cctgggctcg gcgcatcaag gatgcctccc gccgtttcca gcggacgtct tcatggtccc 1920

acagtatgga tacctcaccc tgaacaacgg gagtcaggcg gtaggacgct cttcctttta 1980

ctgcctggag tactttcctt ctcagatgct gcgtactgga aacaactttc agttcagcta 2040

cacttttgaa gacgtgcctt tccacagcag ctacgctcac agccagagtc tggatcggct 2100

gatgaatcct ctgatcgacc agtacctgta ttatctgaac aagacacaaa caaatagtgg 2160

aactcttcag cagtctcggc tactgtttag ccaagctgga ccaaccaaca tgtctcttca 2220

agctaaaaac tggctgcctg gaccttgcta cagacagcag cgtctgtcaa aacaggcaaa 2280

cgacaacaac aacagcaact ttccctggac tgcagctaca aagtatcatc taaatggccg 2340

ggactcgttg gttaatccag gaccagctat ggccagtcac aaggatgacg aagaaaagtt 2400

tttccccatg catggaaccc tgatatttgg taaacaagga acaaatgcca acgacgcgga 2460

tttggaaaat gtcatgatta cagatgaaga agaaatcagg gccaccaatc ccgtggctac 2520

ggagcagtac gggactgtgt caaataattt gcaaaactca aacactggtc caactactgg 2580

aactgtcaat cgccaaggag cgttacctgg tatggtgtgg caggatcgag acgtgtacct 2640

gcagggaccc atttgggcca agattcctca caccgatgga cactttcatc cttctccact 2700

gatgggaggt tttggactca aacacccgcc tcctcagatc atgatcaaaa acactcccgt 2760

tccagccaat cctcccacaa acttcagttc tgccaagttt gcttctttca tcacacagta 2820

ttccacggga caggtcagcg tggagatcga gtgggagctg cagaaggaga acagcaaacg 2880

ctggaatccc gaaattcagt acacttccaa ctacaacaag tctgttaatg tggactttac 2940

tgtggacact aatggtgtgt attcagagcc tcgccccatt ggcaccagat acctgactcg 3000

taatctgtaa ttgcttgtta atcaataaac cgtttaattc gtttcagttg aactttggtc 3060

tctgcgaagg gcgaa 3075

<210> 530

<211> 3142

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 530

aaaacgacgg gccagtgatt gtaatacgac tcactatagg gcgaaattga aattagcggc 60

cgcgaattcg cctttcgcag agaccaaagt tcaactgaaa cgaattaaac ggtttattga 120

ttaacaagca attacagatt acgagtcagg tatctggtgc caatggggcg aggctctgaa 180

tacacaccat tagtgtccac agtaaagtcc acattaacag acttgttgta gttggaagtg 240

tactgaattt cgggattcca gcgtttgctg ttctccttct gcagctccca ctcgatctcc 300

acgctgacct gtcccgtgga atactgtgtg atgaaagaag caaacttggc agaactgaag 360

tttgtgggag gattggctgg aacgggagtg tttttgatca tgatctgagg aggcgggtgt 420

ttgagtccaa aacctcccat cagtggagaa ggatgaaagt gtccatcggt gtgaggaatc 480

ttggcccaaa tgggtccctg caggtacacg tctcgatcct gccacaccat accaggtaac 540

gctccttggt gattgacagt tccagtagtt ggaccagtgt ttgagttttg caaattattt 600

gacacagtcc cgtactgctc cgtagccacg ggattggtgg ccctgatttc ttcttcatct 660

gtaatcatga cattttccaa atccgcgtcg ttggcatttg ttccttgttt accaaatatc 720

agggttccat gcatggggaa aaacttttct tcgtcatcct tgtgactggc catagctggt 780

cctggattaa ccaacgagtc ccggccattt agatgatact ttgtagctgc agtccaggga 840

aagttgctgt tgttgttgtc gtttgcctgt tttgacagac gctgctgtct gtagcaaggt 900

ccaggcagcc agtttttagc ttgaagagac atgttggttg gtccagcttg gctaaacagt 960

agccgagact gctgaagagt tccactattt gtttgtgtct tgttcagata atacaggtac 1020

tggtcgatca gaggattcat cagccgatcc agactctggc tgtgagcgta gctgctgtgg 1080

aaaggcacgt cttcaaaagt gtagctgaac tgaaagttgt ttccagtacg cagcatctga 1140

gaaggaaagt actccaggca gtaaaaggaa gagcgtccta ccgcctgact cccgttgttc 1200

agggtgaggt atccatactg tgggaccatg aagacgtccg ctggaaacgg cgggaggcat 1260

ccttgatgcg ccgagcccag gacgtacggg agctggtact ccgagtcagt aaacacctga 1320

accgtgctgg taaggttatt ggcaatcgtc gtcgtaccgt cattctgcgt gacctctttg 1380

acttgaatat taaagagctt gaagttgagt cttttgggcc ggaatccccg gttgttgttg 1440

acgagtcttt gccagtcacg tggtgaaaag tggcagtgga atctgttgaa gtcaaaatac 1500

ccccaggggg tgctgtagcc aaagtagtgg ttgtcgttgc tggctcctga ttggctggag 1560

atttgcttgt agaggtggtt gttgtatgtg ggcagggccc aggttcgggt gctggtggtg 1620

atgactctgt cgcccagcca ttgggaatcg caatgccaat ttcctgagga attacccact 1680

ccatcggcac cctcgttatt gtctgccatt ggtgcgccac tgcctgtagc cattgtagta 1740

gatcccagac cagaggggggc tgctggtggc tgtccgagag gctgggggtc aggtacggag 1800

tctgcgtctc cagtctgacc aaaatttaat ctttttcttg caggctgctg gcccgctttt 1860

ccggttcccg aggaggagtc tggctccaca ggagagtgct ctaccggcct ctttttttccc 1920

ggagccgtct taacaggctc ctcaaccagg cccagaggtt caagaaccct ctttttcgcc 1980
tggaagactg ctcgtccgag gttgcccccа aaagacgtat cttctttaag gcgctcctga 2040
aactctgcgt cggcgtggtt gtacttgagg tacgggttgt ctccgctgtc gagctgccgg 2100
tcgtaggcct tgtcgtgctc gagggccgcg gcgtctgcct cgttgaccgg ctccccccttg 2160
tcgagtccgt tgaagggtcc gaggtacttg tacccaggaa gcacaagacc cctgctgtcg 2220
tccttatgcc gctctgcggg ctttggtggt ggtgggccag gtttgagctt ccaccactgt 2280
cttattcctt cagagagagt gtcctcgagc caatctggaa gataaccatc ggcagccata 2340

cctgatttaa atcatttatt gttcagagat gcagtcatcc aaatccacat tgaccagatc 2400
gcaggcagtg caagcgtctg gcacctttcc catgatatga tgaatgtagc acagtttctg 2460
atacgccttt ttgacgacag aaacgggttg agattctgac acgggaaagc actctaaaca 2520
gtctttctgt ccgtgagtga agcagatatt tgaattctga ttcattctct cgcattgtct 2580
gcagggaaac agcatcagat tcatgcccac gtgacgagaa catttgtttt ggtacctgtc 2640
cgcgtagttg atcgaagctt ccgcgtctga cgtcgatggc tgcgcaactg actcgcgcgc 2700
ccgtttgggc tcacttatat ctgcgtcact gggggcgggt cttttcttag ctccacccttt 2760

tttgacgtag aattcatgct ccacctcaac cacgtgatcc tttgcccacc ggaaaaagtc 2820
tttcacttcc tgcttggtga cctttccaaa gtcatgatcc agacggcggg taagttcaaa 2880
tttgaacatc cggtcttgca acggctgctg gtgctcgaag gtcgttgagt tcccgtcaat 2940
cacggcgcac atgttggtgt tggaggtgac gatcacggga gtcgggtcta tctgggccga 3000
ggacttgcat ttctggtcca cacgcacctt gcttcctcca agaatggctt tggccgactc 3060
cacgaccttg gcggtcatct tcccctcctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatg 3120
gtaaaaggaa agttctcatt gg 3142

<210> 531
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 531
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

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

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

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

245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asp Lys Ala Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

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

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735

<210> 532
<211> 740
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 532
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

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

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

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

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

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

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

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

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

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

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Leu

725 730 735

Leu Ala Ala Ala

740

<210> 533

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 533

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

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

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

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

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

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

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Met Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Ile Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730

<210> 534

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 534

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

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

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

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

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

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

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

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

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Glu Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

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

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

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

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730

<210> 535

<211> 739

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 535

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

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

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

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

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

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

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Leu
725 730 735
Leu Ala Ala

<210> 536
<211> 725
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 536
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

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

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

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

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

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

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

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

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

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

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

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

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

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

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro

725

<210> 537

<211> 707

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 537

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

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

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

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

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

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

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

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

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Cys Ile Tyr Gln Pro Pro Glu Arg Gln Gln Thr Ser Ser Tyr

580 585 590

Arg Arg Cys Gln His Thr Arg Arg Ser Ser Arg His Gly Leu Ala Gly

595 600 605

Gln Arg Cys Val Pro Ser Gly Ala His Leu Gly Lys Asp Ser Thr His

610 615 620

Gly Arg Thr Phe Ser Pro Leu Ser Pro His Gly Trp Ile Arg Thr Thr

625 630 635 640

Pro Ser Ser Thr Asp Ser His Gln Glu His Pro Gly Thr Cys Glu Ser

645 650 655

Phe Asp His Leu Gln Cys Gly Lys Val Cys Phe Leu His His Thr Val

660 665 670

Leu His Gly Thr Gly Gln Arg Gly Asp Arg Val Arg Ala Ala Glu Gly

675 680 685

Lys Gln Gln Thr Leu Glu Ser Arg Asn Ser Val His Phe Gln Leu Gln

690 695 700

Gln Val Cys

705

<210> 538

<211> 739

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 538

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

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

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

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

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

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

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Leu

725 730 735

Leu Ala Ala

<210> 539

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 539

Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala

580 585 590

Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His His Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

Leu

<210> 540

<211> 741

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 540

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Leu Ala Asn His Asn
580 585 590
Asn Thr Thr Asn Ala Arg Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln
595 600 605
Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln

610 615 620
Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro
625 630 635 640
Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
645 650 655
Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser
660 665 670
Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

675 680 685
Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
690 695 700
Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Ile Asn Val

705 710 715 720

Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile

725 730 735

Gly Thr Arg Tyr Leu

740

<210

> 541

<211> 730

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus 2

<400> 541

Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Asn Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg
725 730

<210> 542
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<220><221> MOD_RES
<222> (239)..(239)
<223> Any amino acid
<400> 542
Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Xaa Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Asn Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735

<210> 543
<211> 733
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 543
Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Leu Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Asn Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr
725 730

<210> 544
<211> 734
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400
> 544
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Cys Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Asn Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Asn Asp Leu Leu Phe Ser Arg
450 455 460
Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg Phe
565 570 575

Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala Thr
580 585 590
Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu Tyr
705 710 715 720
Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730

<210> 545
<211> 734
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 545
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Ser Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Ile Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730

<210> 546
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus 2
<400> 546

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Gly Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Gly Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Leu
725 730 735

Arg Pro

<210> 547

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 547

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttaaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acatacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa tattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatgg cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tgggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc aaccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaaa caggcaaacg gcaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatcagggc caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga cgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 548

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 548

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Gly Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Gly Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Thr Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 549
<211> 2208
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 549

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc tcgcagagcg gcatcaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaaggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc atcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag cccccacaag tctgggatct 600
actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgtcac ttctccccac gtgattggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc acggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caaccttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tatctatatt atctgaacag gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctaggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctttcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggagcatgt tatgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatcct gtggctacag agcagtacgg aaacgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actacagaaa atgtcaatca ccagggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgacggaca ctttcaccct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

tacagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggcca ggtcagcgtg 2040

gagattgagt gggagctgcg gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtat 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 550

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 550

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Leu Ala Glu Arg His Gln Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Thr Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Leu Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu His Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Asn Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590

Glu Asn Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Asn Tyr Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Arg Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 551

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 551

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatcaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc atcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgtcac ttctccccac gtgattggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tatctatatt atctgaacag gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctaggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctttcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcgtcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggagcatgt tatgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatcct gtggctacag agcagtacgg aaacgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actacagaaa atgtcaatca ccagggagcg 1800
ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860
attcctcaca ccgacggaca ctttcaccct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920
cacccgcctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980
ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggcca ggtcagcgtg 2040
gagattgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtat 2100
acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 552
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 552

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Gln Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr Arg Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu His Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Asn Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Glu Asn Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 553

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 553

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatcaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc atcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgtcac ttctccccac gtgattggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgccct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tatctatatt atctgaacag gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctaggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctttcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tgggaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggagcatgt tatgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatcct gtggctacag agcagtacgg aaacgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actacagaaa atgtcaatca ccagggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgacggaca ctttcaccct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggcca ggtcagcgtg 2040

gagattgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtat 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 554

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 554

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

```
            20                  25                  30
Lys Pro Ala Glu Arg His Gln Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145                 150                 155                 160
Lys Ala Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
        195                 200                 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
            260                 265                 270
```

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Pro Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu His Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Asn Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Glu Asn Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 555

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 555

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa aacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacttg ggccctgccc acctacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctgc agggcggcaa cacacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg ttgacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 556

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 556

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Gly Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 557

<211> 3161

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 557

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

ccattcaatg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggaaa gatgaccgcc 120

aaggtcatgg agtcggccaa agccattctc ggaggaagca aggtgcgcgt ggaccagaaa 180

tgtaagtcct cggcccagat agacccgact cccgtgattg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga ttgacgggaa ctcaacgacc ttcgagcacc agcagccgtt gcaagaccgg 300

atgttcaaat ttgaactcac ccgccgtctg gatcatgact ttgggaaggt caccaagcag 360

gaagtcaaag actttttccg gtgggcaaag gatcacgtgg ttgaggtgga gcatgaattc 420

tacgtcaaaa agggtggagc caagaaaaga cccgccccca gtgacgcaga tataagtgag 480

cccaaacggg cgcgcgggtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc 540

aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg 600

tttccctgca gacaatgcga gagaatgaat caaaattcaa atatctgctt cactcacgga 660

cagaaggact gtttagagtg ctttcccgtg tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa 720

aaggcgtatc agaaactttg ctacattcat catatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc 780

actgcctgcg atctggtcaa tgtggatttg gatgactgca tctctgaaca ataaatgatt 840

taaatcaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcaaggaca ctctctctga 900

aggaataaga cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg 960

gcataaggac gacagcgggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa 1020

cggactcgac aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agtacgacaa 1080

ggcctacgac cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga 1140

cgcggagttt caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc 1200

agtcttccag gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa 1260

gacggctccg ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc 1320

gggaacagga aaagcgggcc agcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg 1380

agacgcagac tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg 1440

tctgggaact aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg 1500

cgccgacgga gtgggtaatt cctcgggaag ttggcattgc gattccacat ggatgggcga 1560

cagagtcatc accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaaca accatctgta 1620

caagcagatc tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac 1680

cccttggggg tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca 1740

aagactcatc aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctctttaa 1800

cattcaagtc aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac 1860

cagcacggtt caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc ccggctcggc 1920

gcatcaagga tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata 1980

cctcaccctg aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta 2040

ctttccttct cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga 2100

tgttcctttc cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct 2160

catcgaccag tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca 2220

gtccaggctt cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg 2280

gcttcctgga ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa 2340

cagtgaatac tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt 2400

gaatccgggc ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcaaag 2460

cggggttctc atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt 2520

catgattaca gacgaagagg aaatcagaac caccaatccc gtggccacgg agcagtatgg 2580

ttctgtatct accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctactgcag atgtcaacac 2640

acaaggcgtt cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgcacctgc aggggcctat 2700

ctgggcaaag attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt 2760

tggacttaaa caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcaaatcc 2820

ttcgaccacc ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtatt ccacagggca 2880

ggtcagcgtg gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga 2940

gatccagtac acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa 3000

tggtgtgtat tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaatt 3060

gcttgttaat caataaaccg tttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc tgcgaagggc 3120

gaattcgttt aaaccctgca ggactagtcc ctttagtgag g 3161

<210> 558

<211> 3162

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 558

gaattgaatt tagcggccgc gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga 60

attaaacggt ttattgatta acaagcaatt acagattacg agtcaggtat ctggtgccaa 120

tggggcgagg ctctgaatac acgccattag tgtccacagt aaagtccaca ttaacagact 180

tgttgtagtt ggaagtgtac tgaatttcgg gattccagcg tttgctgttt tccttctgca 240

gctcccactc gatctccacg ctgacctgtc ccgtggagta ctgtgtgatg aaggaagcaa 300

actttgccgc actgaaggtg gtcgaaggat tcgcaggtac cggggtgttc ttgatgagaa 360

tctgtggagg agggtgttta agtccgaatc cacccatgag gggagagggg tgaaaatgtc 420

cgtccgtgtg tggaatcttt gcccagatgg gcccctgaag gtacacatct ctgtcctgcc 480

agaccatgcc tggaagaacg ccttgtgtgt tgacatctgc ggtagctgct tgtctgttgc 540

ctctctggag gttggtagat acagaaccgt actgctccgt agccacggga ttggttgtcc 600

tgatttcctc ttcgtctgta atcatgacct tttcaatgtc cacatttgtt ttctctgagc 660

cttgcttccc aaagatgaga accccgctct gaggaaaaaa cttttcttca ttgtccttgt 720

ggcttgccat ggccgggccc ggattcacca gagagtctct gccattgagg tggtacttgg 780

tagctccagt ccacgagtat tcactgttgt tgttatccgc agatgtcttt gatactcgct 840

gctggcggta acagggtcca ggaagccagt tcctagactg gtcccgaatg tcactcgctc 900

cggcctgaga aaactgaagc cttgactgcg tggtggttcc acttggagtg tttgttgtgc 960

tcaagtaata caggtactgg tcgatgagag gattcatgag acggtccaga ctctggctgt 1020

gagcgtagcc gctgtggaaa ggaacgtcct caaaagtgta gctgaaggta aagttgtttc 1080

cggtacgcag catctgagaa ggaaagtact ccaggcagta aaatgaagag cgtcctactg 1140

cctgactccc gttgttcagg gtgaggtatc catactgtgg caccatgaag acgtctgctg 1200

ggaacggcgg gaggcatcct tgatgcgccg agccgaggac gtacgggagc tggtactccg 1260

agtcagtaaa cacctgaacc gtgctggtaa ggttattggc aatcgtcgtc gtaccgtcat 1320

tctgcgtgac ctctttgact tgaatgttaa agagcttgaa gttgagtctc ttgggtcgga 1380

atccccagtt gttgttgatg agtctttgcc agtcacgtgg tgaaaagtgg cagtggaatc 1440

tgttgaagtc aaaatacccc caaggggtgc tgtagccaaa gtagtgattg tcgttcgagg 1500

ctcctgattg gctggaaatt tgtttgtaga ggtggttgtt gtaggtgggc agggcccagg 1560

ttcgggtgct ggtggtgatg actctgtcgc ccatccatgt ggaatcgcaa tgccaatttc 1620

ccgaggaatt acccactccg tcggcgccct cgttattgtc tgccattggt gcgccactgc 1680

ctgtagccat cgtattagtt cccagaccag agggggctgc tggtggctgt ccgagaggct 1740

gggggtcagg tactgagtct gcgtctccag tctgaccaaa attcaatctt tttcttgcag 1800

gctgctggcc cgcctttccg gttcccgagg aggagtctgg ctccacagga gagtgctcta 1860

ccggcctctt ttttcctgga gccgtcttga caggttcccc aaccaggccc agaggttcaa 1920

gaaccctctt tttcgcctgg aagactgctc gtccgaggtt gcccccaaaa gacgtatctt 1980

ctttaaggcg ctcctgaaac tccgcgtcgg cgtggttgta cttgaggtac gggttgtctc 2040

cgctgtcgag ctgccggtcg taggctttgt cgtgctcgag ggccgcggcg tctgcctcgt 2100

tgaccggctc tcccttgtcg agtccgttga agggtccgag gtacttgtac ccaggaagca 2160

caagacccct gctgtcgtcc ttatgccgct ctgcgggctt tggtggtggt gggccaggtt 2220

tgagcttcca ccactgtctt attccttcag agagagtgtc ctcgagccaa tctggaagat 2280

aaccatcggc agccatacct gatttaaatc atttattgtt caaagatgca gtcatccaaa 2340

tccacattga ccagatcgca ggcagtgcaa gcgtctggca cctttcccat gatatgatga 2400

atgtagcaca gtttctgata cgccttttg acgacagaaa cgggttgaga ttctgacacg 2460

ggaaagcact ctaaacagtc tttctgtccg tgagtgaagc agatatttga attctgattc 2520

attctctcgc attgtctgca gggaaacagc atcagattca tgcccacgtg acgagaacat 2580

ttgttttggt acctgtctgc gtagttgatc gaagcttccg cgtctgacgt cgatggctgc 2640

gcaactgact cgcgcacccg tttgggctca cttatatctg cgtcactggg ggcgggtctt 2700

ttcttggctc cacccttttt gacgtagaat tcatgctcca cctcaaccac gtgatccttt 2760

gcccaccgga aaaagtcttt gacttcctgc ttggtgacct tcccaaagtc atgatccaga 2820

cggcgggtga gttcaaattt gaacatccgg tcttgcaacg gctgctggtg ttcgaaggtc 2880

gttgagttcc cgtcaatcac ggcgcacatg ttggtgttgg aggtgacgat cacgggagtc 2940

gggtctatct gggccgagga cttgcatttc tggtccacgc gcaccttgct tcctccgaga 3000

atggctttgg ccgactccac gaccttggcg gtcatcttcc cctcctccca ccagatcacc 3060

atcttgtcga cacagtcgtt gaagggaaag ttctcattgg tccagttgac gcagcaaggg 3120

cgaattcgtt taaacctgca ggactagtcc ctttagtgag gg 3162

<210> 559

<211> 3164

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 559

gcgaattgaa tttagcggcc gcgaattcgc ccttcgcaga gaccaaagtt caactgaaac 60

gaattaaacg gtttattgat taacaagcaa ttacaaatta cgagtcaggt atctggtgcc 120

aatggggcga ggctctgaat acacgccatt agtgtccaca gtaaagtcca cattaacaga 180

cttgttgtag ttggaagtgt actgaatttc gggattccag cgtttgctgt tttccttctg 240

cagctcccac tcgatctcca cgctgacctg tcccgtggag tactgtgtga tgaaggaagc 300

aaactttgcc gcactgaagg tggtcgaagg attcgcaggt accggggtgt tcttgatgag 360

aatctgtgga ggagggtgtt taggtccgaa tccacccatg aggggagagg ggtgaaaatg 420

tccgtccgtg tgtggaatct ttgcccagat gggcccctga aggtacacat ctctgtcctg 480

ccagaccatg cctggaagaa cgccttgtgt gttgacatct gcggtagctg cttgtctgtt 540

gcctctctgg aggttggtag atacagaacc atactgctcc gtagccacgg gattggttgt 600

cctgatttcc tcttcgtctg taatcatgac cttttcaatg tccacatttg ttttctctga 660

gccttgcttc ccaaagatga gaaccccgct ctgaggaaaa aacttttctt cattgtcctt 720

gtggcttgcc atggccgggc ccggattcac cagagagtct ctgccattga ggtggtactt 780

ggtagctcca gtccacgagt attcactgtt gttgttatcc gcagatgtct ttgatactcg 840

ctgctggcgg taacagggtc caggaagcca gttcctagac tggtcccgaa tgtcactcgc 900

tccggcctga gaaaactgaa gccttgactg cgtggtggtt ccacttggag tgtttgttgt 960

gctcaagtaa tacaggtact ggtcgatgag aggattcatg agacggtcca gactctggct 1020

gtgagcgtag ctgctgtgga aaggaacgtc ctcaaaagtg tagctgaagg taaagttgtt 1080

tccggtacgc agcatctgag aaggaaagta ctccgggcag taaaatgaag agcgtcctac 1140

tgcctgactc ccgttgctca gggtgaggta tccatactgt ggcaccatga agacgtctgc 1200

tgggaacggc gggaggcatc cttgatgcgc cgagccgagg acgtacggga gctggtactc 1260

cgagtcagta aacacctgaa ccgtgctggt aaggttattg gcaatcgtcg tcgtaccgtc 1320

attctgcgtg acctctttga cttgaatgtt aaagagcttg aagttgagtc tcttgggtcg 1380

gaatccccag ttgttgttga tgagtctttg ccagtcacgt ggtgaaaagt ggcagtggaa 1440

tctgttgaag tcaaaatacc cccaaggggt gctgtagcca aagtagtgat tgtcgttcga 1500

ggctcctgat tggctggaaa tttgtctgta gaggtggttg ttgtaggtgg gcagggccca 1560

ggttcgggtg ctggtggtga tgactctgtc gcccatccat gtggaatcgc aatgccgatt 1620

tcccgaggaa ttacccactc cgtcggcgcc ctcgttattg tctgccattg gtgcgccact 1680

gcctgtagcc atcgtattag ttcccagacc agaggggggct gctggtggct gtccgagagg 1740

ctgggggtca ggtactgagt ctgcgtctcc agtctgacca aaattcaatc tttttcttgc 1800

aggctgctgg cccgcctttc cggttcccga ggaggagtct ggctccacag gagagtgctc 1860

taccggcctc ttttttcccg gagccgtctt aacaggttcc ccaaccaggc ccagaggttc 1920

aagaaccctc tttttcgcct ggaagactgc tcgtccgagg ttgcccccaa aagacgtatc 1980

ttctttaagg cgctcctgaa actccgcgtc ggcgtggttg tacttgaggt acgggttgtc 2040

tccgctgtcg agctgccggt cgtaggcttt gtcgtgctcg agggccgcgg cgtctgcctc 2100

gttgaccggc tctcccttgt cgagtccgtt gaagggtccg aggtacttgt acccaggaag 2160

cacaagaccc ctgctgtcgt ccttatgccg ctctgcgggc tttggtggtg gtgggccagg 2220

tttgagcttc caccactgtc ttattccttc agagagagtg tcctcgagcc aatctggaag 2280

ataaccatcg gcagccatac ctgatttaaa tcatttattg ttcaaagatg cagtcatcca 2340

aatccacatt gaccagatcg caggcagtgc aagcgtctgg cacctttccc atgatatgat 2400

gaatgtagca cagtttctga tacgcctttt tgacgacaga aacgggttga gattctgaca 2460

cgggaaagca ctctaaacag tctttctgtc cgtgagtgaa gcagatattt gaattctgat 2520

tcattctctc gcattgtctg cagggaaaca gcatcagatt catgcccacg tgacgagaac 2580

atttgttttg gtacctgtct gcgtagttga tcgaagcttc cgcgtctgac gtcgatggct 2640

gcgcaactga ctcgcgcacc cgtttgggcc cacttatatc tgcgtcactg ggggcgggtc 2700

ttttcttggc tccacccttt ttgacgtaga attcatgctc cacctcaacc acgtgatcct 2760

ttgcccaccg gaaaaagtct ttgacttcct gcttggtgac cttcccaaag tcatgatcca 2820

gacggcgggt gagttcaaat ttgaacatcc ggtcttgcaa cggctgctgg tgttcgaagg 2880

tcgttgagtt cccgtcaatc acggcgcaca tgttggtgtt ggaggtgacg atcacgggag 2940

tcgggtctat ctgggccgag gacttgcatt tctggtccac gcgcaccttg cttcctccga 3000

gaatggcttt ggccgactcc acgaccttgg cggtcatctt ccctcctcc caccagatca 3060

ccatcttgtc gacacagtcg ttgaagggaa agttctcatt ggtccagttg acgcagcaag 3120

ggcgaattcg tttaaacctg caggactagt ccctttagtg aggg 3164

<210> 560

<211> 3163

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 560

accctcacta aagggactag tcctgcaggt ttaaacgaat tcgcccttgc tgcgtcaact 60

ggagcaatga gaactttccc ttcaacgact gtgtcgacaa gatggtgatt tggtgggagg 120

aggggaagat gaccgccaag gtcgtggagt cggccaaagc cattctcgga ggaagcaagg 180

tgcgcgtgga ccagaaatgc aagtcctcgg cccagataga tccgactccc gtgatcgtca 240

cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg acgggaactc aacgaccttc gaacaccagc 300

agccgttgca agaccggatg ttcaaatttg aactcacccg ccgtctggat catgactttg 360

ggaaggtcac caagcaggaa gtcaaagact ttttccggtg ggcaaaggat cacgtggttg 420

aggtggagca tggattctac gtcaaaaagg gtggagccaa gaaaagaccc gcccctagtg 480

acgcagatat aagtgagccc aaacgggtgc gcgagtcagt tgcgcagcca tcgacgtcgg 540

acgcggaagc ttcgatcaac tacgcggaca ggtaccaaaa caaatgttct cgtcacgtgg 600

gcatgaatct gatgctgttt ccctgcagac aatgcgagag aatgaatcaa aattcaaata 660

tctgcttcac tcacggacag aaagactgtt tagagtgctt tcccgtgtca gaatctcaac 720

ctgtttctgt cgtcaaaaag gcgtatcaga aactgcgcta cattcatcat atcatgggaa 780

aggtgccaga cgcttgcact gcctgcgatc tggtcaatgt ggatttggat gactgcatct 840

ctgaacaata aatgatttaa atcaggtatg gctgccgatg gttatcttcc agattggctc 900

gaggacactc tctctgaagg aataagacag tggtggaagc tcaaacctgg cccaccacca 960

ccaaagcccg cagagcggca taaggacgac agcaggggtc ttgtgcttcc tgggtacaag 1020

tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg 1080

gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccgg cagctcgaca gcggagacaa cccgtacctc 1140

aagtacaacc acgccgacgc ggagtttcag gagcgtctta aagaagatac gtcttttggg 1200

ggcaacctcg gacgagcagt cttccaggcg aaaaagaggg ttcttgaacc tctgggcctg 1260

gttgaggaac ctgttaagac ggctccggga aaaaagaggc cggtagagca ctctcctgcg 1320

gagccagact cctcctcggg aaccggaaaa gcgggccagc agcctgcaag aaaaagactg 1380

aatttcggtc agactggaga cgcagactcc gtacctgacc cccagcctct cggacagcca 1440

ccagcagccc ccacaagttt gggatctact acaatggcta caggcagtgg cgcaccaatg 1500

gcagacaata acgagggtgc cgatggagtg ggtaattcct caggaaattg gcattgcgat 1560

tcccaatggc tgggcgacag agtcatcacc accagcaccc gaacctgggc cctgcccacc 1620

tacaacaacc acctttacaa gcaaatctcc agccaatcag gagcctcaaa cgacaaccac 1680

tactttggct acagcacccc ctgggggtat tttgacttca acagattcca ctgccacttt 1740
tcaccacgtg actggcaaag actcatcaac aacaactggg gattccgacc caagagactc 1800
aacttcaagc tctttaacat tcaagtcaaa gaggtcacgc agaatgacgg tacgacgacg 1860
attgccaata accttaccag cacggttcag gtgtttactg actcggagta ccagctcccg 1920
tacgtcctcg gctcggcgca tcaaggatgc ctcccgccgt ttccagcgga cgtcttcatg 1980
gtcccacagt atggatacct caccctgaac aacgggagtc aggcggtagg acgctcttcc 2040
ttttactgcc tggagtgctt tccttctcag atgctgcgta ctggaaacaa ctttcagttc 2100

agctacactt ttgaagacgt gcctttccac agcagctacg ctcacagcca gagtttggat 2160
cggctgatga atcctctgat cgaccagtac ctgtattatc taaacagaac acaaacagct 2220
agtggaactc agcagtctcg gctactgttt agccaagctg gacccacaag catgtctctt 2280
caagctaaaa actggctgcc tggaccgtgt tatcgccagc agcgtttgtc aaagcaggca 2340
aacgacaaca acaacagcaa ctttccctgg actggagcta ccaagtacca cctcaatggc 2400
agagactctt tggtgaaccc gggcccggcc atggccagcc acaaggacga tgaagaaaag 2460
tttttcccca tgcatggaac cctaatattt ggtaaagaag gaacaaatgc taccaacgcg 2520

gaattggaaa atgtcatgat tacagatgaa gaggaaatca ggaccaccaa tcccgtggct 2580
acagagcagt acggatatgt gtcaaataat ttgcaaaact caaatactgc tgcaagtact 2640
gaaactgtga atcaccaagg agcattacct ggtatggtgt ggcaggatcg agacgtgtac 2700
ctgcagggac ccatttgggc caagattcct cacaccgatg gacactttca tccttctcca 2760
ctgatgggag gttttggact caaacacccg cctcctcaga ttatgatcaa aaacactccc 2820
gttccagcca atcctcccac aaacttcagt tctgccaagt ttgcttcctt catcacacag 2880
tattccacgg gacaggtcag cgtggagatc gagtgggagc tgcagaagga gaacagcaaa 2940

cgctggaatc ccgaaattca gtacacttcc aactacaaca aatctgttaa tgtggacttt 3000
actgtggaca ctaatggtgt gtattcagag cctcgcccca ttggcaccag atacctgact 3060
cgtaatctgt aattgcttgt taatcaataa accgtttaat tcgtttcagt tgaactttgg 3120
tctctgcgaa gggcgaattc gcggccgcta aattcaattc gcc 3163
<210> 561
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 561

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Tyr Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asp Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Arg Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Gly Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Leu Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asp Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Pro Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 562

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 562

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactctac 180

aagggagagc cggtcgacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttcttga acctctgggc ttggttgggg agcctgttaa aacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggca accagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca gtggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgaccggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg accaaaaaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcggg gtaccagctc ccgtacgtcc tcggcttggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactta tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccacctc ctcagatcat gattaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca agtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaggac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtac 2100

acttccaact ataacaaacc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 563

<211> 3161

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 563

cgaattgatt tagcggccgc gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga 60

attaaacggt ttattgatta acaagcaatt acagattacg agtcaggtat ctggtgccaa 120

tggggcgagg ctctgaatac acaccattag tgtccacagt aaagtccaca ttaacagatt 180

tgttgtagtt ggaagtgtac tggatctcgg gattccagcg tttgctgttc tccttctgta 240

gctcccactc gatctccacg ctgacccgcc ccgtggaata ctgtgtgatg aaggaagcaa 300

actttgccgc actgaaggtg gtcgaaggat tcgcaggtac cggggtgttt ttgatgagaa 360

tctgtggagg agggtgttta agtccgaatc cgcccatgag gggagagggg tgaaaatgtc 420

cgtccgtgtg cggaatcttt gcccagatag gcccctgcag gtacacgtct ctgtcctgcc 480

agaccatgcc tggaagaacg ccttgtgtgt tgacatctgc agtagatgct tgtgtgttgc 540

cgctctggag gttggtagat acagaaccat actgctccgt ggccacggga ttggtggttc 600

tgatttcctc ttcgtctgta atcatgacct tttcaatgtc cacatttgtt ttctctgatc 660

cttgttttcc aaagatgaga accccgctct gaggaaaaaa cttttcttca tcgtccttgt 720

ggctggccat tgccgggccc ggattcacca gagagtctct gccattgagg tggtacttgg 780

tagctccaat ccacgagtat tcactgttgt tgttgtccgc agatgtcttt gatactcgct 840

gctggcggta acagggtcca ggaagccagt tcctagactg atcccgaatg tcactcgctc 900

cggcctgaga aaactgaagc ctggactgcg tggtggttcc gcttggagtg tttgttctgc 960

tcaagtaata caggtactgg tcgatgagag gattcatgag acggtccaaa ctctggctgt 1020

gagcgtagct gctgtggaaa ggaacatcct caaaggtgta gctgaaggta aagttgtttc 1080

cggtacgcag catctgagaa gggaagtact ccaggcagta aaatgaagag cgtcctactg 1140

cctgactccc gttgttcagg gtgaggtatc catactgtgg caccatgaag acgtctgctg 1200

ggaacggcgg gaggcatcct tgatgcgccg agccgaggac gtacgggagc tggtactccg 1260

agtcagtaaa cacctgaacc gtgctggtaa ggttattggc aatcgtcgtc gtaccatcat 1320

tctgcgtgac ctctctgact tgaatgttaa agagcttgaa gttgagtctc ttgggccgga 1380

atccccagtt gttgttgatg agtctttgcc agtcacgtgg tgaaaagtgg cagtggaatc 1440

tgttgaagtc aaaatacccc caaggggtgc tgtagccaaa gtagtggttg tcgttgctgg 1500

ctcctgattg gctggaaatc tgcttgtaca gatggttgtt gtaggtgggc agagcccagg 1560

ttcgggtgct ggtggtgatg actctgtcgc ccatccatgt ggaatcgcaa tgccaatttc 1620

ccgaggaatt acccactccg tcggcgccat cgttattgtc tgccattggt gcgccactgc 1680

ctgtagccat cgtattagtt cccagaccag agggggctgc tggtggctgt ccgagaggct 1740

gggggtcagg tacggagtct gcgtctccag tctgaccgaa attcaatctc tttcttgcag 1800

gctggttgcc cgcttttccg gttcccgagg aggagtctgg ctccacagga gagtgctcta 1860

ccggcctctt ttttcccgga gccgtcttaa caggctcctc aaccaggccc agaggttcaa 1920

gaaccctctt ttttgcctgg aagactgctc gtccgaggtt gcccccaaaa gacgtatctt 1980

ctttaaggcg ctcctgaaac tccgcgtcgg cgtggtcgta cttgaggtac gggttgtctc 2040

cgctgtcgag ctgccggtcg taggccttgt cgtgctcgag ggccgcggcg tctgcctcgt 2100

tgaccggctc tcccttgtcg agtccgttga agggtccgag gtacttgtac ccaggaagca 2160

caagacccct gctgtcgtcc ttatgccgct ctgcgggctt tggtggtggt gggccaggtt 2220

tgagcttcca ccactgtctt attccttcag agagagtgtc ctcgagccaa tctggaagat 2280

aaccatcggc agccatacct gatttaaatc atttattgtt cagagatgca gtcatccaaa 2340

tccacattga ccagatcgca ggcagtgcaa gcgtctggca cctttcccat gatatgatga 2400

atgtagcaaa gtttctgata cgccttttttg acgacagaaa cgggttgaga ttctgacacg 2460

ggaaagcact ctaaacagtc tttctgtccg tgagtgaagc agatatttga attctgattc 2520

attctctcgc attgtctgca gggaaacagc atcagattca tgcccacgtg acgagaacat 2580

ttgttttggt acctgtccgc gtagttgatc gaagcttccg cgtctgacgt cgatggctgc 2640

gcaactgact cgcgcgcccg tttgggctca cttatatctg cgtcactggg ggcgggtctt 2700

ttcttggctc caccctttttt gacgtagaat tcatgctcca cctcaaccac gtgatccttt 2760

gcccaccgga aaaagtcttt cacttcctgc ttggtgacct tcccaaagtc atgatccaga 2820

cggcgggtta gttcaaattt gaacatccgg tcttgcaacg gctgctggtg ttcgaaggtc 2880

gttgagttcc cgtcaatcac ggcgcacatg ttggtgttgg aggtggcgat cacgggagtc 2940

gggtctatct gggccgagga cttgcacttt tggtccacgc gcaccttgct tcctccgaga 3000

atggcttcgg ccgattccac gaccttggcg gtcatctttc cctcctccca ccagatcacc 3060

atcttgtcga cacagtcgtt gaagggaaag ttctcattgg tccagttgac gcagcaaggg 3120

cgaattcgtt taaacctgca ggaactagtc ccttagtgag g 3161

<210> 564

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 564

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Tyr Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Gly Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asp Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 565

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 565

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccgccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactctac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccgg cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttcttga acctctgggc ttggttgagg agcctgttaa aacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggca accagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca gtggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg accaaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaatca aatagtggaa cccttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aagactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactta tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccacctc ctcagatcat gattaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca agtcagcgta 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtac 2100

acttccaact ataacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 566

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 566

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Cys Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Pro Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Arg Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 567

<211> 2217

<212

> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 567

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctgc aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagacag gccagcagcc cgcgaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtgc ccgaccctca accaatcgga gaaccccccg caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctc cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtcct cggctctgcg 1080

caccagggct gcccgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaacggcag tcaggccgtg ggccgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgcggag aacgggcaac aactttgagt tcagctacca gtttgaggac 1260

gtgccttttc acagcagcta cgcgcatagc caaagcctgg accggctgat gaaccccctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtctcgg actcagtcca cgggaggtac cgcaggaact 1380

cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aataacatgt cggctcaggc caaaaactgg 1440

ctacccgggc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca aaataacaac 1500

agcaactttg cttggaccgg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggta 1560

aatcccggtg tcgctatggc aacgcacaag gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620

ggagtcttga tgtttgggaa acagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcagcgtt 1680

atgctaacca gtgaggaaga aatcaaaacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740

gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaacagt 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac tttcatcctt cgccgctgat gggaggcttt 1920

ggactgaaac acccgcctcc tcagatcctg attaagaata cacctgttcc cgcggatcct 1980

ccaactacct tcagtcaagc caagctggcg tcgttcatca cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaagagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta taacaaatct gttaatgtgg actttactgt ggacactaat 2160

ggtgtgtatt cagagcctcg ccccattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaa 2217

<210> 568

<211> 3167

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 568

attgaattta gcggccgcga attcgccctt cgcagagacc aaagttcaac tgaaacgaat 60

taaacggttt attgattaac aagcaattac agattacgag tcaggtacct ggtgccaatg 120

gggcgaggct ctgaatacac accattagtg tccacagtaa agtccacatt aacagatttg 180

ttgtagttgg aagtgtactg aatctcggga ttccagcgtt tgctgttctc cttctgcagc 240

tcccactcga tctccacgct gacctgcccc gtggagtact gtgtaatgaa ggaagcaaac 300

tttgccgcac tgaaggtagt cgaaggattc gcaggtaccg gggtgttctt gatgagaatc 360

tgcgggggag ggtgtttaag tccgaatccg cccatgaggg gagaggggtg aaaatgtccg 420

tccgtgtgtg gaatctttgc ccagatgggc ccctgcaggt acacgtctct gtcctgccac 480

accatgcctg gaagaacgcc ttgtgtgttg acatctgagg tagctgcttg tgtgttgccg 540

ctctggaggt tggtagatac agaaccatac tgctccgtag ccacgggatt ggtggtcctg 600

atttcctctt cgtctgtaat catgaccttt tcaatgtcca cattagtttt tcccgagtct 660

tgttttccaa agatgagaac cccgctctga ggaaaaaact tttcttcatc gtccttgtgg 720

ctggccatgg ccgggcccgg attcaccaga gagtctcttc cattaaggtg gtacttggta 780

gctccagtcc acgagtattc actgttgttg ttatccgcag atgtctttga tactcgctgc 840

tggcggtaac agggtccagg aagccagttc ctagactggt cccgaatgtc acttgctccg 900

gcctgagaaa actgaagcct tgactgcgtg gtggttccgc ttggagtgtt tgttctgctc 960

aagtaataca ggtactggtc gatgagagga ttcatgagac ggtccaaact ctggctgtgg 1020

gcgtagctgc tgtggaaagg aacgtcctca aaggtgtagc tgaaggtaaa gttgtttccg 1080

gtacgcagca tctgagaagg aaagtactcc aggcagtaaa atgaagagcg tcctactgcc 1140

tgactcccgt tgttcagggt gaggtatcca tactgtggca ccatgaagac gtctgctggg 1200

aacggcggga ggcatccttg atgcgccgag ccgaggacgt acgggagctg gtactccgag 1260

tcagtaaaca cctgaaccgt gctggtaagg ttattggcaa tcgtcgtcgt accgtcattc 1320

tgcgtgacct ccttgacttg aatgttaaag agcttgaagt tgagtctttt gggccggaat 1380

ccccaattgt tgttgatgag tctttgccag tcacgtggcg aaaagtggca gtggaatctg 1440

ttgaagtcaa aataccccca aggggtgctg tagccaaagt agtggttgtc gtttgaggct 1500

cctgattggc tggaaatctg cttgtagagg tggttgttgt aggtgggcag agcccaggtg 1560

cgggtgctgg tggtgatgac tctgtcgccc atccatgtgg aatcgcaatg ccaatttccc 1620

gaggaattac ccactccgtc ggcgccctcg ttattgtctg ccattggtgc gccactgcct 1680

gtagccatcg tattagttcc cagaccagag ggggctgctg gtggctgtcc gagaggctgg 1740

gggtcaggta cggagtctgc gtctccagtc tgaccgaaat tcaatctctt tcttgcaggc 1800

tgctggcccg cttttccggt tcccgaggag gagtctggct ccgcaggaga gtgctctacc 1860

ggcctctttt ttcccggagc cgtcttaaca ggttcctcaa ccaggcccag aggttcaaga 1920

accctctttt tcgcctggaa gactgctcgt ccgaggttgc ccccaaaaga cgtatcttct 1980

ttaagacgct cctggaactc cgcgtcggcg tggttgtact tggggtacgg gttgtctccg 2040

ctgtcgagct gccggtcgta ggccttgtcg tgctcgaggg ccgcggcgtc tgcctcgttg 2100

accggctctc ccttgtcgag tccgttgaag ggtccaaggt acttgtaccc aggaagcaca 2160

agacccctgc tgtcgtcctt atgccgctct gcgggctttg gtggtggtgg gccaggtttg 2220

agcttccacc actgtcttat tccttcagag agagtgtcct cgagccaatc tggaagataa 2280

ccatcggcag ccatacctga tttaaatcat ttattgttca gagatgcagt catccaaatc 2340

cacattgacc agatcgcaag cagtgcaagc gtctggcacc tttcccatga tatgatgaat 2400

gtagcacagt ttctgatacg ccttttttgac gacagaaacg ggttgagatt ctgacacggg 2460

aaagcactct aaacagtctt tctgtccgtg agtgaagcag atatttgaat tctgattcat 2520

tctctcgcat tgtctgcagg gaaacagcat cagattcatg cccacgtgac gagaacattt 2580

gttttggtac ctgtccgcgt agttgattga agcttccgcg tctgacgtcg atggctgcgc 2640

aactgactcg cgcgcccgtt tgggctcact tatatctgcg tcactggggg cgggtctttt 2700

tttggctcca ccctttttga cgtagaattc atgctctacc tcaaccacgt gatcctttgc 2760

ccaccggaaa aagtctttga cttcctgctt ggtgaccttc ccaaagtcat gatccagacg 2820

gcgggtgagt tcaaatttga acatccggtc ttgcaacggc tgctggtgtt cgaaggtcgt 2880

tgagttcccg tcaatcactg cgcacatgtt ggtgttggag gtgacaatca cgggagtcgg 2940

gtctatctgg gccgaggact tgcatttctg gtccacgcgc accttgcttc ctccgagaat 3000

ggctttggcc gactccacga ccttggcggt catcttcccc tcctcccacc agatcaccat 3060

cttgtcgacg caatcattga aaggaaagtt ctcattggtc cagttgacgc agccgtagaa 3120

agggcgaatt cgtttaaacc tgcaggacta gtccctttag tgagggt 3167

<210> 569

<211> 3161

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 569

aattgaattt agcggccgcg aattcgccct tcgcagagac caaagttcaa ctgaaacgaa 60

ttaaacggtt tattgattaa caagcaatta cagattacga gtcaggtatc tggtgccaat 120

ggggcgaggc tctgaataca caccattagt gtccacagta aagtccacat taacagattt 180

gttgtagttg gaagtgtact gaatctcggg attccagcgt ttgctgttct ccttctgcag 240

ctcccactcg atctccacgc tgacctgccc cgtggagtac tgtgtaatga aggaagcaaa 300

ctttgccgca ctgaaggtag tcgaaggatt cgcaggtacc ggggtgttct tgatgagaat 360

ctgcgggggga gggtgtttaa gtccgaatcc gcccatgagg ggagaggggt gaaaatgtcc 420

gtccgtgtgt ggaatctttg cccagatggg cccctgcagg tacacgtctc tgtcctgcca 480

caccatgcct ggaagaacgc cttgtgtgtt gacatctgag gtagctgctt gtgtgttgcc 540

gctctggagg ttggtagata cagaaccata ctgctccgta gccacgggat tggtggtcct 600

gatttcctct tcgtctgtaa tcatgacctt ttcaatgtcc acattagttt ttcccgagtc 660

ttgttttcca aagatgagaa ccccgctctg aggaaaaaac ttttcttcat cgtccttgtg 720

gctggccatg gccgggcccg gattcaccag agagtctctt ccattaaggt ggtacttggt 780

agctccagtc cacgagtatt cactgttgtt gttatccgca gatgtctttg atactcgctg 840

ctggcggtaa cagggtccag gaagccagtt cctagactgg tcccgaatgt cacttgctcc 900

ggcctgagaa aactgaagcc ttgactgcgt ggtggttccg cttggagtgt ttgttctgct 960

caagtaatac aggtactggt cgacgagagg attcatgaga cggtccaaac tctggctgtg 1020

ggcgtagctg ctgtggaaag gaacgtcctc aaaggtgtag ctgaaggtaa agttgtttcc 1080

ggtacgcagc atctgagaag gaaagtactc caggcagtaa aatgaagagc gtcctactgc 1140

ctgactcccg ttgttcaggg tgaggtatcc atactgtggc accatgaaga cgtctgctgg 1200

gaacggcggg aggcatcctt gatgcgccga gccgaggacg tacgggagct ggtactccga 1260

gtcagtaaac acctgaaccg tgctggtaag gttattggca atcgtcgtcg taccgtcatt 1320

ctgcgtgacc tccttgactt gaatgttaaa gagcttgaag ttgagtcttt tgggccggga 1380

tccccaattg ttgttgatga gtctttgcca gtcacgtggc gaaaagtggc agtggaatct 1440

gttgaagtca aaataccccc aaggggtgct gtagccaaag tagtggttgt cgtttgaggc 1500

tcctgattgg ctggaaatct gcctgtagag gtggttgttg taggtgggca gagcccaggt 1560

gcgggtgctg gtggtgatga ctctgtcgcc catccatgtg gaatcgcaat gccaatttcc 1620

cgaggaatta cccactccgt cggcgccctc gttattgtct gccattggtg cgccactgcc 1680

tgtagccatc gtattagttc ccagaccaga gggggctgct ggtggctgtc cgagaggctg 1740

ggggtcaggt acggagtctg cgtctccagt ctgaccgaaa ttcaatctcc ttcttgcagg 1800

ctgctggccc gcttttccgg ttcccgagga ggagtctggc tccgcaagag agtgctctac 1860

cggcctcttt tttcccggag ccgtcttaac aggttcctca accaggccca gaggttcaag 1920

aaccctcttt ttcgcctgga agactgctcg tccgaggttg cccccaaaag acgtatcttc 1980

tttaagacgc tcctggaact ccgcgtcggc gtggttgtac ttgaggtacg ggttgtctcc 2040

gccgtcgagc tgccggtcgt aggccttgtc gtgctcgagg gccgcggcgt ctgcctcgtt 2100

gaccggctct cccttgtcga gtccgttgaa gggtccaagg tacttgtacc caggaagcac 2160

aagacccctg ctgtcgtcct tatgccgctc tgcgggcttt ggtggtggtg ggccaggttt 2220

gagcttccac cactgtctta ttccttcaga gagagtgtcc tcgagccaat ctggaagata 2280

accatcggca gccatacctg atttaaatca tttattgttc agagatgcag tcatccaaat 2340

ccacattgac cagatcgcaa gcagtgcaag cgtctggcac ctttcccatg atatgatgaa 2400

tgtagcacag tttctgatac gccttttga cgacagaaac gggttgagat tctgacacgg 2460

gaaagcactc taaacagtct ttctgtccgt gagtgaagca gatatttgaa ttctgattca 2520

ttctctcgca ttgtctgcag ggaaacagca tcagattcat gcccacgtga cgagaacatt 2580

tgttttggta cctgtccgcg tagttgattg aagcttccgc gtctgacgtc gatggctgcg 2640

caactgactc gcgcgcccgt ttgggctcac ttatatctgc gtcactgggg gcgggtcttt 2700

ttttggctcc acccttttg acgtagaatt catgctctac ctcaaccacg tgatcctttg 2760

cccaccggaa aaagtctttg acttcctgct tggtgacctt cccaaagtca tgatccagac 2820

ggcgggtgag ttcaaatttg aacatccggt cttgcaacgg ctgctggtgt tcgaaggtcg 2880

ttgagttccc gtcaatcact gcgcacatgt tggtgttgga ggtgacaatc acgggagtcg 2940

ggtctatctg ggccgaggac ttgcatttct ggtccacgcg caccttgctt cctccgagaa 3000

tggctttggc cgactccacg accttggcgg tcatcttccc ctcctcccac cagatcacca 3060

tcttgtcgac gcaatcattg aaaggaaagt tctcattggt ccagttgacg cagcaagggc 3120

gaattcgttt aaacctgcag gactagtccc tttagtgagg g 3161

<210> 570

<211> 3172

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 570

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

cccttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtccgccaa ggccattctg ggtggaagca aggtgcgcgt ggaccaaaag 180

tgcaagtcat cggcccagat cgaccccacg cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga tcgacgggaa cagcaccacc ttcgagcacc agcagcccct gcaggaccgc 300

atgttcaagt tcgagctcac ccgccgtctg gagcacgact ttggcaaggt gaccaagcag 360

gaagtcaaag agttcttccg ctgggctcag gatcacgtga ctgaggtggc gcatgagttc 420

tacgtcagaa agggcggagc caccaaaaga cccgccccca gtgacgcgga tataagcgag 480

cccaagcggg cctgcccctc agttgcggag ccatcgacgt cagacgcgga agcaccggtg 540

gactttgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg 600

tttccctgca agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acgtctgctt cacgcacggg 660

gtcagagact gctcagagtg cttccccggc gcgtcggaat ctcaacccgt cgtcagaaaa 720

aagacgtatc agaaactgtg cgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgcg 780

tgttcggcct gcgatctcgt caacgtggac ttggatgact gtgtttctga gcaataaatg 840

acttaaacca ggtatggctg ctgacggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc 900

tgagggcatt cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc cccaagccca aggccaacca 960

gcagaagcag gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt 1020

caacggactc gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga 1080

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 1140

cgacgccgag tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 1200

agcagtcttc caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaagctgc 1260

taagacggct cctggaaaga agagaccggt agaaccgtca cctcagcgtt cccccgactc 1320

ctccgcgggc atcggcaaga aaggccagca gcccgctaaa aagagactga actttggtca 1380

gactggcgac tcagagtcag tccccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc 1440

ctctggtctg ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa 1500

cgaaggcgcc gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct 1560

gggcgacaga gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaacca 1620

cctctacaag caaatatcca atgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt 1680

cggctacagc acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc 1740
acgtgactgg cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggccaaaaa gactcagctt 1800
caagctcttc aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcaccg agaccatcgc 1860
caataacctt accagcacga ttcaggtatt tacggactcg gaataccagc tgccgtacgt 1920
cctcggctcc gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc 1980
ccagtacggc taccttacac tgaacaatgg aagtcaagcc gtaggccgtt cctccttcta 2040
ctgcctggaa tattttccat ctcaaatgct gcgaactgga aacaattttg aattcagcta 2100

caccttcgag gacgtgcctt tccacagcag ctgcgcacac agccagagct cggaccgact 2160
gatgaatcct ctcatcgacc agtacctgta ctacttatcc agaactcggt ccacaggagg 2220
aactcaaggt acccagcaat tgttattttc tcaagctggg cctgcaaaca tgtcggctca 2280
ggctaagaac tggctacctg gaccttgcta ccggcagcag cgagtctcta cgacactgtc 2340
gcaaaacaac aacagcaact ttgcttggac tggtgccacc aaatatcacc tgaacggaag 2400
agactctttg gtaaatcccg gtgtcgccat ggcaacccac aaggacgacg aggaacgctt 2460
cttcccgtcg agtggagtcc tgatgtttgg aaaacagggt gctggaagag acaatgtgga 2520

ctacagcagc gttatgctaa ccagcgaaga agaaattaaa accactaacc ctgtagccac 2580
agaacaatac ggtgtggtgg ctgacaactt gcagcaaacc aatacagggc ctattgtggg 2640
aaatgtcaac agccaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccgag acgtgtacct 2700
gcagggtccc atctgggcca agattcctca cacggacggc aacttccacc cttcaccgct 2760
aatgggagga tttggactga agcacccacc tcctcagatc ctgatcaaga acacgccggt 2820
acctgcggat cctccaacaa cgttcagcca ggcgaaattg gcttccttca ttacgcagta 2880
cagcaccgga caggtcagcg tggaaatcga gtgggagctg cagaaggaga acagcaaacg 2940

ctggaaccca gagattcagt acacttcaaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc 3000
tgtcaataca gagggaactt attctgagcc tcgccccatt ggtactcgtt acctcacccg 3060
taatctgtaa ttgctggtta atcaataaac cgtttgattc gtttcagttg aactttggtc 3120
tctgcgaagg gcgaattcgt ttaaacctgc aggactagtc cctttagtga gg 3172

<210> 571

<211> 3172

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 571

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

cccttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtccgccaa ggccattctg ggtggaagca aggtgcgcgt ggaccaaaag 180

tgcaagtcat cggcccagat cgaccccacg cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga tcggcgggaa cagcaccacc ttcgagcacc agcagcccct gcaggaccgc 300

atgttcaagt tcgagctcac ccgccgtctg gagcacgact ttggcaaggt gaccaagcag 360

gaagtcaaag agttcttccg ctgggctcag gatcacgtga ctgaggtggc gcatgagttc 420

tacgtcagaa agggcggagc caccaaaaga cccgccccca gtgacgcgga tataagcgag 480

cccaagcggg cctgcccctc agttgcggag ccatcgacgt cagacgcgga agcaccggtg 540

gactttgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg 600

tttccctgca agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acgtctgctt cacgcacggg 660

gtcagagact gctcagagtg cctccccggc gcgtcagaat ctcaacccgt cgtcagaaaa 720

aagacgtatc agaaactgtg cgcgattcat catctgctgg ggcgggcacc cgagattgcg 780

tgttcggcct gcgatctcgt caacgtggac ttggatgact gtgtttctga gcaataaatg 840

acttaaacca ggtatggctg ctgacggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc 900

tgagggcatt cgcgagtggt gggacctgaa acctggagcc cccaagccca aggccaacca 960

gcagaagcag gacgacggcc ggggtctggt gcttcttggc tacaagtacc tcggaccctt 1020

caacggactc gacaaggggg agcccgtcaa tgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga 1080

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 1140

cgacgccgag tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 1200

agcagtcttc caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaagctgc 1260

taagacggct cctggaaaga agagaccggt agaaccgtca cctcagcgtt cccccgactc 1320

ctccacgggc atcggcaaga aaggccagca gcccgctaaa aagagactga actttggtca 1380

gactggcgac tcagagtcag tccccgaccc tcaaccaatc ggagaaccac cagcaggccc 1440

ctctggtctg ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa 1500

cgaaggcgcc gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct 1560

gggcgacaga gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctgcccacct acaacaacca 1620

cctctacaag caaatatcca atgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt 1680

cggctacagc acccccctggg ggtattttga cttcaacaga ttccactgcc acttctcacc 1740

acgtgactgg cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggccaaaaa gactcagctt 1800

caagctcttc aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc 1860
caataacctt accagcacga ttcaggtatt tacggactcg gaataccagc tgccgtacgt 1920
cctcggctcc gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc 1980
ccagtacggc taccttacac tgaacaatgg aagtcaagcc gtaggccgtt cctccttcta 2040
ctgcctggaa tattttccat ctcaaatgct gcgaactgga aacaattttg aattcagcta 2100
caccttcgag gacgtgcctt tccacagcgg ctacgcacac agccagagct tggaccgact 2160
gatgaatcct ctcatcgacc agtacctgta ctacttatcc agaactcagt ccacaggagg 2220

aactcaaggt acccagcaat tgttattttc tcaagctggg cctgcaaaca tgtcggctca 2280
ggctaagaac tggctacctg gaccttgcta ccggcagcag cgagtctcta cgacactgtc 2340
gcaaaacaac aacagcaact ttgcttggac tggtgccacc aaatatcacc tgaacggaag 2400
agactctttg gtaaatcccg gtgtcgccat ggcaacccac aaggacgacg aggaacgctt 2460
cttcccgtcg agtggagtcc tgatgtttgg aaaacagggt gctggaagag acaatgtgga 2520
ctacagcagc gttatgctaa ccagcgaaga agaaattaaa accactaacc ctgtagccac 2580
agaacaatac ggtgtggtgg ctgacaactt gcagcaaacc aatacagggc ctattgtggg 2640

aaatgtcaac agccaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccgag acgtgtacct 2700
gcagggtccc atctgggcca agattcctca cacggacggc aacttccacc cttcaccgct 2760
aatgggagga tttggactga agcacccacc tcctcagatc ctgatcaaga acacgccggt 2820
acctgcggat cctccaacga cgttcagcca ggcgaaattg gcttccttca ttacgcagta 2880
cagcaccgga caggtcagcg tggaaatcga gtgggagctg cagaaggaga acagcaaacg 2940
ctggaaccca gagattcagt acacttcaaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc 3000
tgtcaataca gagggaactt attctgagcc tcgccccatt ggtactcgtt acctcacccg 3060

taatctgtaa ttgctggtta atcaataaac cgtttgattc gtttcagttg aactttggtc 3120
tctgcgaagg gcgaattcgt ttaaacctgc aggactagtc cctttagtga gg 3172

<210> 572
<211> 2208
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus

<400> 572
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg aaagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa aacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc gagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg cttcaggcag tggcgcacca gtggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacagct ggggattccg acccaaaaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta ccgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttt atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcccttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctgc tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctatatt atctgaacaa gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca cggacgggca ctttcatcct tctccactaa tgggaggttt tgggctcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcctacaaac 1980
ttcagttctt ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtat 2100
acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ccgactcgta atctgtaa 2208

<210> 573
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 573

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80
Arg Gln Leu Glu Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Ser Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Leu Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ser Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Pro Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 574

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 574

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggagaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gccagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggtattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctcg tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 575

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 575

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Glu Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp Tyr Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590
Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Val Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 576
<211> 2209
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 576
atggctgccg atggttatcc tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga agggataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggcc agcggcctgc aagaaaaaga ttaaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600
actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acatacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa tattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tgggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320
tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380
ctgtttagcc aagctggacc aaccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440
ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaaa caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560
ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620
atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680
gatgaagaag aaatcagggc caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740
aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatcg ccaaggagcg 1800
ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860
attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaat 2209

<210> 577

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 577

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Pro Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Arg Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn Arg Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 578

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 578

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgtcga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa ggcggctccg 420

ggagaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

cattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccccca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg cgccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 579

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 579

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Val

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Ala Ala Pro Gly Glu Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly His Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590
Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Pro Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Ala Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 580
<211> 2208
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 580
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ccctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga taacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagagga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccggcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 581

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 581

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Arg Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 582

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 582

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaaggaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcgg cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagacgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 583

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 583

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Gly Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Thr Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 584

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 584

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctgcaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ttttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

acctacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc gggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 585

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 585

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Cys Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Tyr Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Arg Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 586

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 586

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ccctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga taacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagagga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccggcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 587

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 587

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Arg Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 588

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 588

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

ggcagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctca acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa aacggctccg 420

ggaaaaaaga gaccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accacaagca ctcgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactattttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct ccctttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagat gtgtaccttc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagattat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcctacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacaataa tggcgtgtac 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 589

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 589

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Gly Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asn Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Pro Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 590

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 590

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 591

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 591

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525
Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 592

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 592

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggattcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg cttcaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaatc 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tatttcgact tcaacagatt ccactgccac ttctccccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcggg gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgccttccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggca gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

catagcagct acgctcacgg ccaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgat gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacgtt cgggaccagt ctagaaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgattac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccagctatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaaatatt ttcctcagag cggggttctc 1620

gtctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gcggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacaaattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccact 1980

ttcagtgcgg caaagtttgt ttccttcatc acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 593

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 593

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Gly Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Gly Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Val Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Val Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Ala Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Val Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 594

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 594

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga aactcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttctgga acctctgagc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctccc gcagagccag attcctcctc cggaactgga 480

aagtcgggca accagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agactcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaata 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaat cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctagagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt caggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gtcagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctt 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggata ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtcgggca agacagagac gtgtacctgc aggggcctac ttgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 595
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 595

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Ser Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Gln Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Gly Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Thr Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 596

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 596

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttctgga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcagagccag attcctcctc cggaactgga 480

aagtcgggca accagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agactcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaata 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaat cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctagggta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gtcagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctt 1620

atctttggga agcaaggccc agagaaaaca aatgtggata ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca agacagagac gtgtacctgc aggggcctat ttgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 597

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 597

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Gly Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Pro Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 598

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 598

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Pro Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 599

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 599

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Pro Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 600

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 600

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgcgg cctggtttga ggaaacctgt taagacggct 420

ccgggaaaaa agaggccggt agagcactct cctgtggagc cagactcctc ctcgggaacc 480

ggaaaagcgg gccagcagcc tgcaagaaaa agattaaatt ttggtcagac tggagacgca 540

gactccgtac ctgaccccca gcctctcgga cagccaccag cagccccctc tggtctggga 600

tctactacaa tggctacagg cagtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctgga cgacagagtc 720

atcgccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacataca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ctgcaacgac aaccactact ttggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacagca actggggatt ccggcccaaa agactcaact tcaagctctt taatattcaa 960

gtcaaagagg tcacgcagaa tgacggtacg acgacgattg ccaataacct taccagcacg 1020

gttcaggtgt ttactgactc ggagtaccag ctcccgtacg tcccgggctc ggcgcatcaa 1080

ggatgcctcc cgccgtttcc agcggacgtc ttcatggtcc cacagtatgg atacctcacc 1140

ctgaacaacg ggagtcaggc ggtaggacgc tcttcctttt actgcctgga gtactttcct 1200

tctcagatgc tgcgtactgg aaacaacttt cagttcagct acacttttga agacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgctca ctgccagagt ctggatcggc tgatgaatcc tctgatcgac 1320

cagtacctgt attatctgaa caagacacaa acaaatagtg gaactcttca gcagtctcgg 1380

ctactgttta gccaagctgg accaaccaac atgtctcttc aagctaaaaa ctggctgcct 1440

ggaccttgct acagacagca gcgtctgtca aaacaggcaa acgacaataa caactgcaac 1500

tttccctgga ctgcagctac aaagtatcat ctaaatggcc gggactcgtt ggttaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggatgac gaagaaaagt ttttccccat gcatggaacc 1620

ctgatatttg gtaaacaagg aacaaatgcc aacgacgcgg atttggaaaa tgtcatgatt 1680

acagatgaag aagaaatcag gcccaccaat cccgtggcta cggagcagta cgggactgtg 1740

tcaaataatt tgcaaaactc aaacactggt ccaactacag gaactgtcaa tcaccaagga 1800

gcgttacctg gtatggtgtg gcaggatcga gacgtgtacc tgcagggacc catttgggcc 1860

aagattcctc acaccgatgg acactttcat ccttctccac tgatgggagg ttttggactc 1920

aaacacccgc ctcctcagat catgatcaaa agcactcccg ttccagccaa tcctcccaca 1980

aacttcagtt ctgccaagtt tgcttcttcc atcacacagt attccacggg acaggtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggag aacagcaaac gctggaatcc cgaaattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtggacac taatggtgtg 2160

tattcagagc ctcgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 601

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 601

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Arg Pro Gly Leu Arg Lys Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys
130 135 140
Arg Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr
145 150 155 160
Gly Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro

180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Asp Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Ala Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Cys Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Ser Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Cys Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys

435 440 445

Thr Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Cys Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr

580 585 590

Thr Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Ser Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Ser Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 602

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 602

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagagga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttctgga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcagagccag attcctcctc cggaactgga 480

aagtcgggca accagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agactcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accatctgta caagcaaata 780

tccagccagt ctggagccag caacgacaat cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctagagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa cagctttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gtcagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagttct ttcctcagag cggggttctt 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggata ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca agacagagac gtgtacctgc aggggcctat ttgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 603

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 603

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Ser Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 604

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 604

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 605

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 605

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ser Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380
Gly Gly Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Ser Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 606

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 606

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtt cacagcccgc taaaaagaaa ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtccccg accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atgggagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gcgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc taatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gctttcaata aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagattg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta a 2211

<210> 607

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 607

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ser Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 608

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 608

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagcggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccagagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggtacttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cggcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg ggccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 609
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 609

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Arg Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Glu Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Gly Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 610

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 610

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagcggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccagagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtccttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggtacttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacgaga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg ggccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 611

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 611

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Arg Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Glu Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Glu Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 612

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 612

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagcggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccagagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggtacttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtaccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg ggccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 613

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 613

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Arg Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Glu Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 614

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 614

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagcggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccagagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggtactcga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagc aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg ggccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc cgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 615

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 615

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Arg Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Glu Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Ala Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Gly Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 616

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 616

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 617

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 617

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgttcggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccccg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 618

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 618

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Cys His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 619

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 619

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Arg
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Leu Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Ala Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Pro Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Arg Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Thr Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Ala Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Ala Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 620

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 620

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcggac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtt 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt atcttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcgcc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagccgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctcg ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ctgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatcg cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgcgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 621

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 621

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttaaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acatacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcgtc 900

aacaacaacc ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa tattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tgggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc aaccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaaa caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatcagggc caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 622

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 622

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Val Asn Asn Asn Arg
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 623

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 623

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Ser Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Ser Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 624

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 624

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgagct ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattctgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 625

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 625

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Pro Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Pro Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Val Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 626

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 626

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tacaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ccggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgccacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccgtcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgttg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 627

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 627

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Ser Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590
Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Leu
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 628

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 628

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aagcaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggactt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 629

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 629

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Pro Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Pro Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Glu Val Pro Leu His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Val Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn
435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe
450 455 460
Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro
580 585 590
Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Ser Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly
705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735

Leu

<210> 630
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 630

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Pro Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Leu His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro
580 585 590
Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Ser Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly
705 710 715 720
Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735
Leu

<210> 631
<211> 2214
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 631
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ccgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgcctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540
gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccttg cccacctaca ataaccacct ctacaagcaa 780
atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaaact cttcaacatc 960
caagtcaagg aggtcacgac gaatgatggc gtcacaacca tcgctaataa ccttaccagc 1020
acggttcaag tcttctcgga ctcggagtac cagcttccgt acgtcctcgg ctctgcgcac 1080
cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260
cctctccaca gcagctacgc gcacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctctcatc 1320
gtccaatacc tgtattacct gaacagaact caaaatcagt ccggaagtgc ccaaaacaag 1380
gacttgctgt tcagccgtgg gtctccagct ggcatgtctg ttcagcccaa aaactggcta 1440
cctggaccct gttatcggca gcagcgcgtt tctaaaacaa aaacagacaa caacaacagc 1500
aattttacct ggactggtgc ttcaaaatat aacctcaatg ggcgtgaatc catcatcaac 1560

cctggcactg ctatggcctc acacaaagac gacgaagaca agttctttcc catgagcggt 1620
gtcatgattt ttggaaaaga gagcgccgga gcttcaaaca ctgcattgga caatgtcatg 1680
attacagacg aagaggaaat taaagccact aaccctgtgg ccaccgaaag atttgggacc 1740
gtggcagtca atttccagag cagcagcaca gaccctgcga ccggagatgt gcatgctatg 1800
ggagcattac ctggcatggt gtggcaagat agagacgtgt acctgcaggg tcccatttgg 1860
gccaaaattc ctcacacaga tggacacttt cacccgtctc ctcttatggg cggctttgga 1920
ctcaagaacc cgcctcctca gatcctcatc aaaaacacgc ctgttcctgc gaatcctccg 1980

gcggagtttt cagctacaaa gtttgcttca ttcatcaccc aatactccac aggacaagtg 2040

agtgtggaaa ttgaatggga gctgcagaaa gaaaacagca agcgctggaa tcccgaagtg 2100

cagtacacat ccaattatgc aaaatctgcc agcgttgatt ttactgtgga caacaatgga 2160

ctttatactg agcctcgccc cattggcacc cgttacctta cccgtcccct gtaa 2214

<210> 632

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 632

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Gly Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Pro Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Gly Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 633

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 633

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcagacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctga gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagggccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacccgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaaggtaga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 634

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 634

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Gly Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Pro Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Gly Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735
<210> 635
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 635
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Gly Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Gly Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 636
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 636

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Arg Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Gly Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 637

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 637

atggctgccg atggctatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatagggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcggg gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata ccccaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcac aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccgtgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 638

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 638

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Gly Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Pro Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Thr Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Val Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 639

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 639

atggctgccg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgggc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actccccctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcactgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc actttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggccgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctctt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ctccacagca gctgcgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacagggac 1380

ttgctgttca gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccgcagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 640

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 640

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Pro Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Arg Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Ser Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Leu His Ser Ser Cys Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Arg Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Ala Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 641

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 641

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1               5                  10                  15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
            20                  25                  30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
```

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Leu His Ser Ser Cys Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Arg Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 642

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 642

atggctgccg atggctatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatagggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgggg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacagt cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcac aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctc 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacaatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 643

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 643

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Arg Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Ser His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Thr Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asn Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 644

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 644

Arg Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu

1 5 10 15

Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys

20 25 30

Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu

35 40 45

Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu

50 55 60

Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr

65 70 75 80

Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His

85 90 95

Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly
100 105 110
Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu
115 120 125
Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys
130 135 140
Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Gly Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Glu Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn
435 440 445
Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe
450 455 460
Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His
515 520 525
Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe
530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 645

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 645

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Gly Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Glu Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 646
<211> 2211
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 646
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gccagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtactt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacgg caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcgaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaacacaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcaccgctg tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaagcactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 647

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 647

Arg Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu

1 5 10 15

Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys

20 25 30

Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu

35 40 45

Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu

50 55 60

Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr

65 70 75 80

Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His

85 90 95

Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly

100 105 110

Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu

115 120 125

Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys

130 135 140

Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Glu Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700
Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly
705 710 715 720
Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735
Leu

<210> 648
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 648
Arg Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu
1 5 10 15

Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys
20 25 30
Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu
35 40 45
Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu
50 55 60
Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr
65 70 75 80

Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His
85 90 95
Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly
100 105 110
Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu
115 120 125
Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys

130 135 140

Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn
435 440 445
Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe
450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu
500 505 510
Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His
515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro
580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly

705 710 715 720

Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro

725 730 735

Leu

<210> 649

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 649

Arg Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu

1 5 10 15

Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys

20 25 30

Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu

35 40 45

Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu

50 55 60

Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr

65 70 75 80

Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His

85 90 95

Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly

100 105 110

Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu

115 120 125

Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys

130 135 140

Arg Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Glu Ser Ala Gly Ala Asn Ser Thr Ala Leu Asp Asn Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro

580 585 590

Ala Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly
705 710 715 720
Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735
Leu

<210> 650
<211> 2208
<212> DNA

<213> Adeno-associated virus
<400> 650
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcaaggaca ctctctctga aggaataaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcgggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agtacgacaa ggcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaacagga 480
aaagcgggcc agcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaag ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaaca accatctgta caagcagatc 780
tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc ccggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgcttc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga tgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg acaacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcaaag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcagaac caccaatccc gtggccacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctactgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgcacctgc aggggcctat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcaaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtatt ccacagggca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 651

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 651

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Lys Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Gly Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu Tyr Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Ser Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn

485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val His Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 652

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 652

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcagagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttaaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acatacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa tattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tgggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc aaccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaaa caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcgcaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatcagggc caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg gactgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 653

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 653

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Arg Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 654

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 654

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgggg aacctgtcaa gacggctcca 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcggct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcac aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacaatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtacgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 655

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 655

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Gly Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Thr Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asn Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 656

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 656

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgggg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa tcggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta cagacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

agcaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcccggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcac aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacaatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacctaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atttgtaa 2208

<210> 657

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 657

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Arg His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Arg Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Ser Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Pro Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Thr Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asn Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Pro Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 658

<211> 2205

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 658

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ctgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcagacag ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accaccttta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctaaacag aacacaaaca gctagtggaa ctcagcagtc tcggctactg 1380

tttagccaag ctggacccac aagcatgtct cttcaagcta aaaactggct gcctggaccg 1440

tgttatcgcc agcagcgttt gtcaaagcag gcaaacgaca acaacaacag caactttccc 1500

tggactggag ctaccaagta ctacctcaat ggcagagact ctttggtgaa cccgggcccg 1560

gccatggcca gccacaagga cgatgaagaa aagtttttcc ccatgcatgg aaccctaata 1620

tttggtaaag aaggaacaaa tgctaccaac gcggaattgg aaaatgtcat gattacagat 1680

gaagaggaaa tcaggaccac caatcccgtg gctacagagc agtacggata tgtgtcaaat 1740

aatttgcaaa actcaaatac tgctgcaagt actgaaactg tgaatcacca aggagcatta 1800

cctggtatgg tgtggcagga tcgagacgtg tacctgcagg gacccatttg ggccaagatt 1860

cctcacaccg atggacactt tcatccttct ccactgatgg gaggttttgg actcaaacac 1920

ccgcctcctc agattatgat caaaaacact cccgttccag ccaatcctcc cacaaacttc 1980

agttctgcca agtttgcttc cttcatcaca cagtattcca cgggacaggt cagcgtggag 2040

atcgagtggg agctgcagaa ggagaacagc aaacgctgga atcccgaaat tcagtacact 2100

tccaactaca acaaatctgt taatgtggac tttactgtgg acactaatgg tgtgtattca 2160

gagcctcgcc ccattggcac cagatacctg actcgtaatc tgtaa 2205

<210> 659

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 659

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Arg Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala

450 455 460

Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro

465 470 475 480

Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn

485 490 495

Ser Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly Arg

500 505 510

Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp

515 520 525

Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu

530 535 540

Gly Thr Asn Ala Thr Asn Ala Glu Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly

565 570 575

Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Ala Ala Ser Thr Glu

580 585 590

Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg

595 600 605

Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn

690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 660

<211> 3160

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 660

acccttcact aaagggacta gtcctgcagg tttaaacgaa ttcgcccttg ctgcgtcaac 60

tggaccaatg agaactttcc cttcaacgac tgtgtcgaca agatggtgat ttggtgggag 120

gaggggaaga tgaccgccaa ggtcgtggag tcggccaaag ccattctcgg aggaagcaag 180

gtgcgcgtgg accagaaatg caagtcctcg gcccagatag atccgactcc cgtgatcgtc 240

acctccaaca ccaacatgtg cgccgtgatt gacgggaact caacgacctt cgaacaccag 300

cagccgttgc aagaccggat gttcaaattt gaactcaccc gccgtctgga tcatgacttt 360

gggaaggtca ccaagcggga agtcaaagac tttttccggt gggcaaagga tcacgtggtt 420

gaggtggagc atgaattcta cgtcaaaaag ggtggagcca agaaaagacc cgcccctagt 480

gacgcagata taagtgagcc caaacgggtg cgcgagtcag ttgcgcagcc atcgacgtca 540

gacgcggaag cttcgatcaa ctacgcggac aggtaccaaa acaaatgttc tcgtcacgtg 600

ggcatgaatc tgatgctgtt tccctgcaga caatgcgaga gaatgaatca aaattcaaat 660

atctgcttca ctcacggaca gaaagactgt ttagagtgct ttcccgtgtc agaatctcaa 720

cctgtttctg tcgtcaaaaa ggcgtatcag aaactgtgct acattcatca tatcatggga 780

aaggtgccag acgcttgcac tgcctgcgat ctggtcaatg tggatttgga tgactgcatc 840

tctgaacaat aaatgattta aatcaggtat ggctgccgat ggttatcttc cagattggct 900

cgaggacact ctctctgaag gaataagaca gtggtggaag ctcaaacctg gcccaccacc 960

accaaagccc gcagagcggc ataaggacga cagcaggggt cttgtgcttc ctgggtacaa 1020

gtacctcgga cccttcaacg gactcgacaa gggagagccg gtcaacgagg cagacgccgc 1080

ggccctcgag cacgacaagg cctacgaccg gcagctcgac agcggagaca acccgtacct 1140

caagtacaac cacgccgacg cggagtttca ggagcgtctt aaagaagata cgtcttttgg 1200

gggcaacctc ggacgagcag tcttccaggc gaaaaagagg gttcttgaac ctctgggcct 1260

ggttgaggaa cctgttaaga cggctccggg aaaaaagagg ccggtagagc actctcctgc 1320

ggagccagac tcctcctcgg gaaccggaaa agcgggccag cagcctgcaa gaaaaagact 1380

gaatttcggt cagactggag acgcagactc cgtacctgac ccccagcctc tcagacagcc 1440

accagcagcc cccacaagtt tgggatctac tacaatggct acaggcagtg gcgcaccaat 1500

ggcagacaat aacgagggtg ccgatggagt gggtaattcc tcaggaaatt ggcattgcga 1560

ttcccaatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc cgaacctggg ccctgcccac 1620

ctacaacaac cacctttaca agcaaatctc cagccaatca ggagcctcaa acgacaacca 1680

ctactttggc tacagcaccc cctgggggta ttttgacttc aacagattcc actgccactt 1740

ttcaccacgt gactggcaaa gactcatcaa caacaactgg ggattccgac ccaagagact 1800

caacttcaag ctctttaaca ttcaagtcaa agaggtcacg cagaatgacg gtacgacgac 1860

gattgccaat aaccttacca gcacggttca ggtgtttact gactcggagt accagctccc 1920

gtacgtcctc ggctcggcgc atcaaggatg cctcccgccg tttccagcgg acgtcttcat 1980

ggtcccacag tatggatacc tcaccctgaa caacgggagt caggcggtag gacgctcttc 2040

cttttactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgcgt actggaaaca actttcagtt 2100

cagctacact tttgaagacg tgcctttcca cagcagctac gctcacagcc agagtttgga 2160

tcggctgatg aatcctctga tcgaccagta cctgtattat ctaaacagaa cacaaacagc 2220

tagtggaact cagcagtctc ggctactgtt tagccaagct ggacccacaa gcatgtctct 2280

tcaagctaaa aactggctgc ctggaccgtg ttatcgccag cagcgtttgt caaagcaggc 2340

aaacgacaac aacaacagca actttccctg gactggagct accaagtact acctcaatgg 2400

cagagactct ttggtgaacc cgggcccggc catggccagc cacaaggacg atgaagaaaa 2460

gtttttcccc atgcatggaa ccctaatatt tggtaaagaa ggaacaaatg ctaccaacgc 2520

ggaattggaa aatgtcatga ttacagatga agaggaaatc aggaccacca atcccgtggc 2580

tacagagcag tacggatatg tgtcaaataa tttgcaaaac tcaaatactg ctgcaagtac 2640

tgaaactgtg aatcaccaag gagcattacc tggtatggtg tggcaggatc gagacgtgta 2700

cctgcaggga cccatttggg ccaagattcc tcacaccgat ggacactttc atccttctcc 2760

actgatggga ggttttggac tcaaacaccc gcctcctcag attatgatca aaaacactcc 2820

cgttccagcc aatcctccca caaacttcag ttctgccaag tttgcttcct tcatcacaca 2880

gtattccacg ggacaggtca gcgtggagat cgagtgggag ctgcagaagg agaacagcaa 2940

acgctggaat cccgaaattc agtacacttc caactacaac aaatctgtta atgtggactt 3000

tactgtggac actaatggtg tgtattcaga gcctcgcccc attggcacca gatacctgac 3060

tcgtaatctg taattgcttg ttaatcaata aaccgtttaa ttcgtttcag ttgaactttg 3120

gtctctgcga agggcgaatt cgcggccgct aaatcaatcg 3160

<210> 661

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 661

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys Arg Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Gly Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala

450 455 460

Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro

465 470 475 480

Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn
485 490 495
Ser Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Gly
500 505 510
Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp
515 520 525

Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu
530 535 540
Gly Thr Asn Ala Thr Asn Ala Glu Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp
545 550 555 560
Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly
565 570 575
Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Ala Ala Ser Thr Glu
580 585 590

Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Arg Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp
610 615 620
Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655

Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
675 680 685
Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn
690 695 700
Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser
705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 662

<211> 3157

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 662

ctcactaagg gactagtcct gcaggtttaa acgaattcgc ccttgctgcg tcaactggac 60

caatgagaac tttcccttca acgactgtgt cgacaagatg gtgatttggt gggaggaggg 120

gaagatgacc gccaaggtcg tggagtcggc caaagccact ctcggaggaa gcaaggtgcg 180

cgtggaccag aaacgcaagt cctcggccca gatagatccg actcccgtga tcgtcacctc 240

caacaccaac atgtgcgccg tgattgacgg gaactcaacg accttcgaac accagcagcc 300

gttgcaagac cgaatgttca aatttgaact cacccgccgt ctggatcatg acttcgggaa 360

ggtcaccaag caggaagtca aagacttttt ccggtgggca aaggatcacg tggttgaggt 420

ggagcatgaa ttctacgtca aaaagggtgg agccaagaaa agacccgccc ctagtgacgc 480

agatataagt gagcccaaac gggtgcgcga gtcagttgcg cagccatcga cgtcagacgc 540

ggaagcttcg atcaactacg cggacaggta ccaaaacaaa tgttctcgtc acgtgggcat 600

gaatctgatg ctgtttccct gcagacaatg cgagagaatg aatcaaaatt caaatatctg 660

cttcactcac ggacagaaag actgtttaga gtgctttccc gtgtcagaat ctcaacctgt 720

ttctgtcgtc aaaaaggcgt atcagaaact gtgctacatt catcatatca tgggaaaggt 780

gccagacgct tgcactgcct gcgatctggt caatgtggat ttggatgact gcatctctga 840

acaataaatg atttaaatca ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg 900

acactctctc tgaaggaata agacagtggt ggaagctcaa acctggccca ccaccaccaa 960

agcccgcaga gcggcataag gacgacagca ggggtcttgt gcttcctggg tacaagtacc 1020

tcggaccctt caacggactc gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggctc 1080

tcgagcacga caaggcctac gaccggcagc tcgacagcgg agacaacccg tacctcaagt 1140

acaaccacgc cgacgcggag tttcaggagc gtcttaaaga agatacgtct tttgggggca 1200

acctcggacg agcagtcttc caggcgaaaa agagggttct tgaacctctg ggcctggttg 1260

aggaacctgt taagacggct ccgggaaaaa agaggccggt agagcactct cctgcggagc 1320

cagactcctc ctcgggaacc ggaaaagcgg gccagcagcc tgcaagaaaa agactgaatt 1380

tcggtcagac tggagacgca gactccgtac ctgaccccca gcctctcgga cagccaccag 1440

cagcccccac aagtttggga tctactacaa tggctacagg cagtggcgca ccaatggcag 1500

acaataacga gggtgccgat ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc 1560

aatggctggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca 1620
acaaccacct ttacaagcaa atctccagcc aatcaggagc ctcaaacgac aaccactact 1680
ttggctacag caccccctgg gggtattttg acttcaacag attccactgc cgcttttcac 1740
cacgtgactg gcaaagactc atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact 1800
tcaagctctt taacattcaa gtcaaagagg tcacgcagaa tgacggtacg acgacgattg 1860
ccaataacct taccagcacg gttcaggtgt ttactgactc ggagtaccag ctcccgtacg 1920
tcctcggctc ggcgcatcaa ggatgcctcc cgccgtttcc agcggacgtc ttcatggtcc 1980

cacagtatgg atacctcacc ctgaacaacg ggagtcaggc ggtaggacgc tcttcctttt 2040
actgcctgga gtactttcct tctcagatgc tgcgtactgg aaacaacttt cagttcagct 2100
acacttttga agacgtgcct ttccacagca gctacgctca cagccagggt ttggatcggc 2160
tgatgaatcc tctgatcgac cagtacctgt attatctaaa cagaacacaa acagctagtg 2220
gaactcagca gtctcggcta ctgtttagcc aagctggacc cacaagcatg tctcttcaag 2280
ctaaaaactg gctgcctgga ccgtgttatc gccagcagcg tttgtcaaag caggcaaacg 2340
acaacaacaa cagcaacttt ccctggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcggag 2400

actctttggt gaacccgggc ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt 2460
tccccatgca tggaacccta atatttggta aagaaggaac aaatgctacc aacgcggaat 2520
tggaaaatgt catgattaca gatgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacag 2580
agcagtacgg atatgtgtca aataatttgc aaaactcaaa tactgctgca agtactgaaa 2640
ctgtgaatca ccaaggagca ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc 2700
ggggacccat ttgggccaag attcctcacg ccgatggaca ctttcatcct tctccactga 2760
tgggaggttt tggactcaaa cacccgcctc ctcagattat gatcaaaaac actcccgttc 2820

cagccaatcc tcccacaaac ttcagttctg ccaagtttgc ttccttcatc acacagtatt 2880
ccacgggaca ggtcagcgtg gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct 2940
ggaatcccga aattcagtac acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg 3000
tggacactaa tggtgtgtat tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta 3060
atctgtaatt gcttgttaat caataaaccg tttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc 3120
tgcgaagggc gaattcgcgg ccgctaaatt caattcg 3157

<210> 663

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 663

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Cys Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala

450 455 460

Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro

465 470 475 480

Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn
485 490 495
Ser Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg
500 505 510

Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp
515 520 525
Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu
530 535 540
Gly Thr Asn Ala Thr Asn Ala Glu Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp
545 550 555 560
Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly
565 570 575

Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Ala Ala Ser Thr Glu
580 585 590
Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655
Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
675 680 685
Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn
690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser
705 710 715 720
Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 664

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 664

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctggatac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggca accagcctgc aagaaaaaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcat ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcgtc 720

accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcagatt 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcgccac gcgactggca gagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctgtttaa cattcaagtc 960

aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgacttgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gcaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag tcaaagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccactacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acagctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcaaag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaaa 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt tggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct cattaagaat accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagcgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggggtgtat 2160

tcagagcctc gccctattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 665

<211> 3159

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 665

gattgattta gcggccgcga attcgccctt gctgcgtcaa ctggaccaat gagaactttc 60

ccttcaacga ttgcgtcgac aagatggtga tctggtggga ggagggaaag atgaccgcca 120

aggtcgtgga gtcggccaaa gccattctcg gaggaagcaa ggtgcgtgtg gaccaaaagt 180

gcaagtcttc ggcccagatc gacccgactc ccgtgatcgt cacctccaac accaacatgt 240

gcgccgtgat tgatggaaac tcaacgacct tcgagcacca gcagccgttg caagaccgga 300

tgttcaaatt tgaacttacc cgccgtctgg atcatgactt tggaaaggtc accaagcagg 360

aagtgaaaga ctttttccgg tgggcaaagg atcacgtggt tgaggtggag catgagttct 420

acgtcaaaaa gggtggagcc aaaaaaagac ccgcccccag tgacgcagat ataagtgagc 480

ccaaacgggc gcgcgagtca gttgcgcagc catcgacgtc agacgcggaa gcttcgatca 540

actacgcgga caggtaccaa aacaaatgtt ctcgtcacgt gggcatgaat ctgatgctgt 600

ttccctgcag acaatgcgag agaatgaatc agaattcaaa tatctgcttc actcacggac 660

agaaagactg tccatagtgc tttcccgtgt cagaatctca acccgtttct gtcgtcaaaa 720

aggcgtatca gaaactgtgc tacattcatc acatcatggg aaaggtgcca gacgcttgca 780

ctgcttgcga cctggtcaat gtggatttgg atgactgcat ctctgaacaa taaatgattt 840

aaatcaggta tggctgccga tggttatctt ccagattggc tcgaggacac tctctctgaa 900

ggaataagac agtggtggaa gctcaaacct ggcccaccac caccaaagcc cgcagagcgg 960

cataaggacg acagcagggg tcttgtgctt cctggataca agtacctcgg acccttcaac 1020

ggactcgaca agggagagcc ggtcaacgag gcagacgccg cggccctcga gcacgacaag 1080

gcctacgacc ggcagctcga cagcggagac aacccgtacc tcaagtacaa ccacgccgac 1140

gcggagtttc aggagcgcct taaagaagat acgtcttttg ggggcaacct cggacgagca 1200

gtcttccagg cgaaaaagag ggttcttgaa cctctgggcc tggttgagga acctgttaag 1260

acggctccgg gaaaaaagag gccggtagag cactctcctg tggagccaga ctcctcctcg 1320

ggaaccggaa aagcgggcaa ccagcctgca agaaaaagat tgaatttcgg tcagactgga 1380

gacgcagact ccgtacctga cccccagcct ctcggacagc caccagcatc cccctctggt 1440

ctgggaacta atacgatggc tacaggcagt ggcgcaccaa tggcagacaa taacgagggc 1500

gccgacggag tgggtaattc ctcgggaaat tggcattgcg attccacatg gatgggcgac 1560

agagtcgtca ccaccagcac ccgcacctgg gccctgccca cctacaacaa ccacctctac 1620

aagcagattt ccagccaatc aggagccagc aacgacaacc actactttgg ctacagcacc 1680

ccttgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tttcgccacg cgactggcag 1740

agactcatca acaacaactg gggattccgg cccaaaagac tcaacttcaa gctgtttaac 1800

attcaagtca aggaggtcac gcagaatgac ggtacgacga cgattgccaa taaccttacc 1860

agcacggttc aggtgtttac tgacttggag taccagctcc cgtacgtcct cggctcggcg 1920

catcaaggat gcctcccgcc gttcccagca gacgtcttca tggtgccaca gtatggatac 1980

ctcaccctga acaacgggag tcaggcggta ggacgctctt ccttttactg cctggagtac 2040

tttccttctc agatgcttcg caccggaaac aactttacct tcagctacac ttttgaagac 2100

gttcctttcc acagcagcta cgctcacagt caaagtctgg accgtctcat gaatcctctc 2160

atcgaccagt acctgtatta cttgagcaga acaaacactc caagcggaac cactacgcag 2220

tccaggcttc agttttctca ggccggagcg agtgacattc gggaccagtc taggaactgg 2280

cttcctggac cctgttaccg ccagcagcga gtatcaaaga cagctgcgga taacaacaac 2340

agtgaatact cgtggactgg agctaccaag taccacctca atggcagaga ctctctggtg 2400

aatccgggcc cggccatggc cagccacaag gacgatgaag aaaagttttt tcctcaaagc 2460

ggggttctca tctttgggaa gcaaggctca gagaaaacaa atgtggacat tgaaaaggtc 2520

atgattacag acgaagagga aatcaggacc accaatcccg tggctacgga gcagtatggt 2580

tctgtatcta ccaacctcca gagcggcaac acacaagcag ctacctcaga tgtcaacaca 2640

caaggcgttc ttccaggcat ggtctggcag gacagagacg tgtacctgca ggggcccatc 2700

tgggcaaaaa ttccacacac ggacggacat tttcacccct ctcccctcat gggcggattt 2760

ggacttaaac accctcctcc acagattctc attaagaata ccccggtacc tgcgaatcct 2820

tcgaccacct tcagcgcggc aaagtttgct tccttcatca cacagtattc cacggggcag 2880

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaatcccgaa 2940

attcagtaca cttccaacta caacaaatct gttaatgtgg actttactgt ggacactaat 3000

ggggtgtatt cagagcctcg ccctattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaattg 3060

cttgttaatc aataaaccgt ttaattcgtt tcagttgaac tttggtctct gcgaagggcg 3120

aattcgttta aacctgcagg actagtccct ttagtgagg 3159

<210> 666

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 666

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ser Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Val
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 667

<211> 2205

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 667

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaaagcccg cagagcggca taaggacgac 120

agcaggggtc ttgtgcttcc tggatacaag tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag 180

ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccgg 240

cagctcgaca gcggagacaa cccgtacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagtttcag 300

gagcgcctta aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg gacgagcagt cttccaggcg 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tctgggcctg gttgaggaac ctgttaagac ggctccggga 420

aaaaagaggc ccgtagagca ctctcctgtg gagccagact cctcctcggg aaccggaaaa 480

gcgggcaacc agcctgcaag aaaaagattg aatttcggtc agactggaga cgcagactcc 540

gtacctgacc cccagcctct cggacagcca ccagcagccc cctctggtct gggaactaat 600

acgatggcta caggcagtgg cgcaccaatg gcagacaata acgagggcgc cgacggagtg 660

ggtaattcct cgggagattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag agtcatcacc 720

accagcaccc gcacctgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa gcagatttcc 780

agccaatcag gagccagcaa tgacaaccac tactttggct acagcacccc ttgggggtat 840

tttgacttca acagattcca ctgccacttt tcgccacgcg actggcagag actcatcaac 900

aacaactggg gattccggcc caaaagactc aacctcaagc tgtttaacat tcaagtcaag 960

gaggtcacgc agaatgacgg tacgacgacg attgccaata accttaccag cacggttcag 1020

gtgtttactg acttggagta ccagctcccg tacgtcctcg gctcggcgca tcaaggatgc 1080

ctcccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg gtgccacagt atggatacct caccctgaac 1140

aacgggagtc aggcggtagg acgctcttcc ttttactgcc tggagtactt tccttctcag 1200

atgcttcgta ccggaaacaa ctttaccttc agctacactt ttgaagacgt tcctttccac 1260

agcagctacg ctcacagtca aagtctggac cgtctcatga atcctctcat cgaccagtac 1320

ctgtattact tgagcagaac aaacactcca agcggaacca ctacgcagtc caggcttcag 1380

ttttctcagg ccggagcgag tgacattcgg gaccagtcta ggaactggct tcctggaccc 1440

tgttaccgcc agcagcgagt atcaaagaca gctgcggata acaacaacgg tgaatactcg 1500

tggactggag ctaccaagta ccacctcaat ggcagagact ctctggtgaa tccgggcccg 1560

gccatggcca gccacaagga cgatgaagaa aagtttttc ctcaaagcgg ggttctcatc 1620

tttgggaagc aaggctcaga gaaaacaaat gtggacattg aaaaggtcat gattacagac 1680

gaagaggaaa tcaggaccac caatcccgtg gctacggagc agtatggttc tgtatctacc 1740

aacctccaga gcggcaacac acgagcagct acctcagatg tcaacacaca aggcgttctt 1800

ccaggcatgg tctggcagga cagagacgtg tacctgcagg ggcccatctg ggcaaaaatt 1860

ccacacacgg acggacattt tcacccctct cccctcatgg gcggatttgg acttaaacac 1920

cctcctccac agattctcat taagaatacc ccggtacctg cgaatccttc gaccaccttc 1980

agcgcggcaa agtttgcttc cttcatcaca cagtattcca cggggcaggt cagcgtggag 2040

atcgagtggg agctgcagaa ggagaacagc aaacgctgga atcccgaaat tcagtacact 2100

tccaactaca acaaatctgt taatgtggac tttactgtgg acactaatgg ggtgtattca 2160

gagcctcgcc ctattggcac cagatacctg actcgtaatc tgtaa 2205

<210> 668

<211> 3156

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 668

cgattgaatt tagcggccgc gaattcgccc ttgctgcgtc aacggaccaa tgagaacttt 60

cccttcaacg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggaaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtcggccaa agccattctc ggaggaagca aggtgcgtgt ggaccaaaag 180

tgcaagtctt cggcccagat cgacccgact cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga ttgatggaaa ctcaacgacc ttcgagcacc agcagccgtt gcaagaccgg 300

atgttcaaat ttgaacttac ccgccgtctg gatcatgact ttggaaaggt caccaagcag 360

gaagtgaaag actttttccg gtgggcaaag gatcacgtgg ttgaggtgga gcatgagttc 420

tacgtcaaaa agggtggagc caaaaaaaga cccgccccca gtgacgcaga tataagtgag 480

cccaaacggg cgcgcgagtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc 540

aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg 600

tttccctgca gacaatgcga gcgaatgaat cagaattcaa atatctgctt cactcacgga 660

cagaaagact gtttagagtg ctttcccgtg tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa 720

aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc 780

actgcttgcg acctggtcaa tgtggatttg gatgactgca tctctgaaca ataaatgatt 840

taaatcaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga 900

aggaataaga cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaaagcccg cagagcggca 960

taaggacgac agcaggggtc ttgtgcttcc tggatacaag tacctcggac ccttcaacgg 1020

actcgacaag ggagagccgg tcaacgaggc agacgccgcg gccctcgagc acgacaaggc 1080

ctacgaccgg cagctcgaca gcggagacaa cccgtacctc aagtacaacc acgccgacgc 1140

ggagtttcag gagcgcctta aagaagatac gtcttttggg ggcaacctcg gacgagcagt 1200

cttccaggcg aaaaagaggg ttcttgaacc tctgggcctg gttgaggaac ctgttaagac 1260

ggctccggga aaaaagaggc ccgtagagca ctctcctgtg gagccagact cctcctcggg 1320

aaccggaaaa gcgggcaacc agcctgcaag aaaaagattg aatttcggtc agactggaga 1380

cgcagactcc gtacctgacc cccagcctct cggacagcca ccagcagccc cctctggtct 1440

gggaactaat acgatggcta caggcagtgg cgcaccaatg gcagacaata acgagggcgc 1500

cgacggagtg ggtaattcct cgggagattg gcattgcgat tccacatgga tgggcgacag 1560

agtcatcacc accagcaccc gcacctgggc cctgcccacc tacaacaacc acctctacaa 1620

gcagatttcc agccaatcag gagccagcaa tgacaaccac tactttggct acagcacccc 1680

ttgggggtat tttgacttca acagattcca ctgccacttt tcgccacgcg actggcagag 1740

actcatcaac aacaactggg gattccggcc caaaagactc aacctcaagc tgtttaacat 1800

tcaagtcaag gaggtcacgc agaatgacgg tacgacgacg attgccaata accttaccag 1860

cacggttcag gtgtttactg acttggagta ccagctcccg tacgtcctcg gctcggcgca 1920

tcaaggatgc ctcccgccgt tcccagcaga cgtcttcatg gtgccacagt atggatacct 1980

caccctgaac aacgggagtc aggcggtagg acgctcttcc ttttactgcc tggagtactt 2040

tccttctcag atgcttcgta ccggaaacaa ctttaccttc agctacactt ttgaagacgt 2100

tcctttccac agcagctacg ctcacagtca aagtctggac cgtctcatga atcctctcat 2160

cgaccagtac ctgtattact tgagcagaac aaacactcca agcggaacca ctacgcagtc 2220

caggcttcag ttttctcagg ccggagcgag tgacattcgg gaccagtcta ggaactggct 2280

tcctggaccc tgttaccgcc agcagcgagt atcaaagaca gctgcggata acaacaacgg 2340

tgaatactcg tggactggag ctaccaagta ccacctcaat ggcagagact ctctggtgaa 2400

tccgggcccg gccatggcca gccacaagga cgatgaagaa aagttttttc ctcaaagcgg 2460

ggttctcatc tttgggaagc aaggctcaga gaaaacaaat gtggacattg aaaaggtcat 2520

gattacagac gaagaggaaa tcaggaccac caatcccgtg gctacggagc agtatggttc 2580

tgtatctacc aacctccaga gcggcaacac acgagcagct acctcagatg tcaacacaca 2640

aggcgttctt ccaggcatgg tctggcagga cagagacgtg tacctgcagg ggcccatctg 2700

ggcaaaaatt ccacacacgg acggacattt tcacccctct cccctcatgg gcggatttgg 2760

acttaaacac cctcctccac agattctcat taagaatacc ccggtacctg cgaatccttc 2820

gaccaccttc agcgcggcaa agtttgcttc cttcatcaca cagtattcca cggggcaggt 2880

cagcgtggag atcgagtggg agctgcagaa ggagaacagc aaacgctgga atcccgaaat 2940

tcagtacact tccaactaca acaaatctgt taatgtggac tttactgtgg acactaatgg 3000

ggtgtattca gagcctcgcc ctattggcac cagatacctg actcgtaatc tgtaattgct 3060

tgttaatcaa taaaccgttt aattcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa 3120

ttcgtttaaa cctgcaggac tagtcccttt agtgag 3156

<210> 669

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 669

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Lys

20 25 30

Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Arg

65 70 75 80

Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro

130 135 140

Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly Lys

145 150 155 160

Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly

165 170 175

Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro Ala

180 185 190

Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly Ala

195 200 205

Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser

210 215 220

Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile Thr

225 230 235 240

Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr

245 250 255

Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr Phe

260 265 270

Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys

275 280 285

His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly

290 295 300

Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Leu Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys
305 310 315 320
Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr
325 330 335
Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val
340 345 350
Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val

355 360 365
Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln
370 375 380
Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln
385 390 395 400
Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp
405 410 415
Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu

420 425 430
Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn
435 440 445
Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln Ala
450 455 460
Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly Pro
465 470 475 480
Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn Asn

485 490 495
Gly Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg
500 505 510
Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp
515 520 525
Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys Gln
530 535 540
Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr Asp

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly

565 570 575

Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Arg Ala Ala Thr Ser

580 585 590

Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg

595 600 605

Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn

690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 670

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 670

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtacg accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg agcctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggca accagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgatgg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggctctgccc acctacaaca accatctgta caagcagatt 780

tccagccaat caggagccag caacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

agagaggtca cgcagaatga tggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta cttcccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga tgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtccaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggatcagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg acaacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggattg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggcaatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaaggatc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcagaac caccaatccc gtggccacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca tctactgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcctat ctgggcaaag 1860

attccgcaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaaaaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtatt ccacggggcg ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctaca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gatccagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 671

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 671

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asp His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Asn Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Asp Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Arg Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Ile Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ser Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Arg Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 672

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 672

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagacag gccagcagcc cgcgaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtgc ccgaccctca accaatcgga gaaccccccg caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattccg catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgacc ctgggccctc cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtctttac ggactcggaa taccagctcc cgtacgtcct cggctctgcg 1080

caccagggct gcccgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac 1140

ctgactctga acaacggcag tcaggccgtg ggccgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

tttccttctc aaatgcggag aacgggcaac aactttgagt tcagctacca gtttgaggac 1260

gtgccttttc acagcagcta cgcgcatagc caaagcctgg accggctgat gaacccccctc 1320
atcgaccagt acctgtacta cctgtctcgg actcagtcca cgggaggtac cgcaggaact 1380
cagcagttgc tattttctca ggccgggcct aataacatgt cggctcaggc caaaaactgg 1440
ctacccgggc cctgctaccg gcagcaacgc gtctccacga cactgtcgca aaataacaac 1500
agcaactttg cttggaccgg tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggta 1560
aatcccggtg tcgctatggc aacgcacaag gacgacgaag agcgattttt tccatccagc 1620
ggagtcttga tgtttgggaa acagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcagcgtt 1680

atgctaacca gtgaggaaga aatcaaaacc accaacccag tggccacaga acagtacggc 1740
gtggtggccg ataacctgca acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaacagt 1800
caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatc 1860
tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac tttcatcctt cgccgctgat gggaggcttt 1920
ggactgaaac acccgcctcc tcagatcctg attaagaata cacctgttcc cgcggatcct 1980
ccaactacct tcagtcaagc caagctggcg tcgttcatca cgcagtacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaagagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag 2160
ggtacttatt cagagcctcg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa cctgtaa 2217

<210> 673
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 673

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Ala Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Pro Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Pro Pro Pro Phe

355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Arg Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 674

<211> 735

<212

> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 674

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575
Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 675
<211> 3158
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 675
gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

cctttcaatg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggaaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtcggccaa agccattctc ggaggaagca aggtgcgcgc ggaccagaaa 180

tgcaagtcct cggcccagat agacccgact cccgtgattg tcacctccaa caccaacatg 240

tgcgccgtga ttgacgggaa ctcaacgacc ttcgaacacc agcagccgtt gcaagaccgg 300

atgttcaaat ttgaactcac ccgccgtctg gatcatgact ttgggaaggt caccaagcag 360

gaagtcaaag actttttccg gtgggcaaag gatcacgtgg ttgaggtgga gcatgaattc 420

tacgtcaaaa agggtggagc taagaaaaga cccgccccca gtgacgcaga tataagtgag 480

cccaaacggg cgcgcgagtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc 540

aactacgcgg gcaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg 600

tttccctgca gacaatgcga gagaatgaat cagaattcaa atatctgctt cactcacgga 660

cagaaagact gtttagagtg ctttcccgtg tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa 720

aaggcgtatc agaaactttg ctacattcat catatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc 780

actgcctgcg atctggtcaa tgtggatttg gatgactgca tctctgaaca ataaatgatt 840

taaatcaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga 900

aggaataaga cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg 960

gcataaggac gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa 1020

cggactcgac aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa 1080

ggcctacgac cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga 1140

cgcggagttt caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc 1200

agtcttccag gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa 1260

aacggctccg ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc 1320

gggaaccgga aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaatttcg gtcagactgg 1380

agacgcagac tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg 1440

tctgggatct actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg 1500

tgccgatgga gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga 1560

cagagtcatc accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta 1620

caagcaaatc tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac 1680

cccctggggg tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca 1740

aagactcatc aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa 1800

cattcaagtc aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac 1860

cagcacggtt caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc 1920

gcatcaagga tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata 1980

cctcaccctg aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta 2040

ctttccttct cagatgctgc gtaccggaaa caactttcaa ttcagctaca cttttgaaga 2100

cgtgcctttc cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct 2160

ggtcgaccag tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca 2220

gtctcggcta ctgtttagcc aagctggacc caccaacatg tctcttcaag ctaaaaactg 2280

gctgcctgga ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa 2340

cagcaacttt ccctggactg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt 2400

taatccagga ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca 2460

tggaaccctt atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt 2520

catgattaca gatgaagaag aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg 2580

aactgtatca aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca 2640

ccaaggagcg ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat 2700

ttgggccaag attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt 2760

tggactcaaa cacccacctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc 2820

tcccacaaac ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca 2880

ggtcagcgtg gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga 2940

aattcagtac acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa 3000

tggtgtgtat tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaatt 3060

gcttgttaat caataaaccg tttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc tgcgaagggc 3120

gaattcgttt aaacctgcag gactagtccc tttagtga 3158

<210> 676

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 676

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Pro Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Thr Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Asn Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Arg Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Thr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Val Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 677

<211> 3159

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 677

gattgaattt agcggccgcg aattcgccct tgctgcgtca actggaccaa tgagaacttt 60

cctttcaatg attgcgtcga caagatggtg atctggtggg aggagggaaa gatgaccgcc 120

aaggtcgtgg agtcggccaa agccattctc ggaggaagca aggtgcgcgt ggaccagaaa 180

tgcaagtcct cggcccagat agacccgact cccgtgattg tcacctccaa caccgacatg 240

tgcgccgtga ttgacgggaa ctcaacgacc ttcgaacacc agcagccgtt gcaagaccgg 300

atgttcaaat ttgaactcac ccgccgtctg gatcatgact ttgggaaggt caccaagcag 360

gaagtcaaag actttttccg gtgggcaaag gatcacgtgg ttgaggtgga gcatgaattc 420

tacgtcaaaa agggtggagc taagaaaaga cccgccccca gtgacgcaga tataagtgag 480

cccaaacggg cgcgcgagtc agttgcgcag ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc 540

aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg 600

tttccctgca gacaatgcga gagaatgaat cagaattcaa atatctgctt cactcacgga 660

cagaaagact gtttagagtg ctttcccgtg tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa 720

aaggcgtatc agaaactttg ctacattcat catatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc 780

actgcctgcg atctggtcaa tgtggatttg gatgactgca tctctgaaca ataaatgatt 840

taaatcaggt atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga 900

aggaataaga cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg 960

gcataaggac gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa 1020

cggactcgac aagggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa 1080

ggcctacgac cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga 1140

cgcggagttt caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc 1200

agtcttccag gcaaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa 1260

aacggctccg ggaaaaaaga ggccggtaga gcaccctcct gtggagccag actcctcctc 1320

gggaaccgga aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaatttcg gtcagactgg 1380

agacgcagac tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg 1440

tctgggatct actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg 1500

tgccgatgga gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga 1560

cagagtcatc accaccagca cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta 1620

caagcaaatc tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac 1680

cccctggggg tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca 1740

aagactcatc aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa 1800

cattcaagtc aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac 1860

cagcacggtt caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc 1920

gcatcaagga tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata 1980

cctcaccctg aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta 2040

ctttccttct cagatgctgc gtaccggaaa caactttcag ttcagctaca cttttgaaga 2100

cgtgcctttc cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct 2160

gatcgaccag tacctgtatt atctgaacaa gacacaaaca aatagtggaa ctcttcagca 2220

gtctcggcta ctgtttagcc aagctggacc caccaacatg tctcttcaag ctaaaaaccg 2280

gctgcctgga ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa 2340

cagcaacttt ccctggaccg cagctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt 2400

taatccagga ccagctatgg ccagtcacaa ggatgacgaa gaaaagtttt tccccatgca 2460

tggaaccctt atatttggta aacaaggaac aaatgccaac gacgcggatt tggaaaatgt 2520

catgattaca gatgaagaag aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg 2580

aactgtatca aataatttgc aaaactcaaa cactggtcca actactggaa ctgtcaatca 2640

ccaaggagcg ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat 2700

ttgggccaag attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactgg tgggaggttt 2760

tggactcaaa cacccacctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc 2820

tcccacaaac ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca 2880

ggtcagcgtg gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga 2940

aattcagtac acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa 3000

tggtgtgtat tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaatt 3060

gcttgttaat caataaaccg tttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc tgcgaagggc 3120

gaattcgttt aaacctgcag gactagtccc tttagtgag 3159

<210> 678

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 678

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtaccttg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac cccaagtaca accacgccga cgcggagttc 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaagaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggctctgccc acctacaaca accacctcta caagcagatt 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcgccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaatt ggggattccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgcccacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctt aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtgtggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcccc cgcagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgactacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccaggtac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 679

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 679

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Pro Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 680

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 680

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtaccttg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acggcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttc 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctctt gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaggaga ttgaatttcg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggctctgccc acctacaaca accacctcta caggcagatt 780

tccagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcgccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaatt ggggatcccg gcccaaaaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaggaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgcccacag ccagagtttg gaccgtctca tgaatcctct cgtcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagcggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc aagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctt aatggaagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg ccagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggaa aacaagactc gggaaaaact aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac caccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagcggcaa cacacaagca gctacctcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtgtggca ggacagagac gtgtacctgc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggcggatt cggacttaaa 1920

caccctcccc cgcagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgactacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatt acacagtact ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaatcccga gattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 681

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 681

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Gly Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Leu Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Arg Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Arg Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Ser Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 682

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 682

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Glu Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Cys Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Ser Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Arg Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 683
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 683
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcttggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaatgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcggcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980
ccaacgacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100
attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160
ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 684
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 684

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Leu
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Gly Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 685
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 685

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

```
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Pro Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145                 150                 155                 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
        195                 200                 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
    210                 215                 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
            260                 265                 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
        275                 280                 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
    290                 295                 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305                 310                 315                 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
                325                 330                 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
            340                 345                 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
        355                 360                 365
```

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 686
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 686

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr

435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 687

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 687

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg gacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tcaagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcgggtcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa aacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagtc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctacctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcaccta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggca tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tgggctcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaagagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 688

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 688

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800
gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 689
<211> 2208
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 689

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaacaaga 60
cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420
ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480
aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660
gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780
tcaagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcgggtcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa aacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagtc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctacctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtaccaccta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccaaggagcg 1800

ttacctggca tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tgggctcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaagagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 690

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 690

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccacctg caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg agggagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac tgccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 691

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 691

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Thr Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr
580 585 590
Gly Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 692

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 692

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcatcaggac 120

aacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gaccctccaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc atcagcctgc gagaaagaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaac cactactttg gctgcagcac cccctggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgtcac ttctccccac gtgattggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtacccgctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tcctttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cctttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gaccggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tatctatatt atctgaacag gacacaatca aatagtggaa ctcttcagca gtctaggcta 1380

ctgtttagcc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctgcctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctttcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtatcatcta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagccacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggagcatgt tatgattaca 1680

gatgaagaag aaatcaggac caccaatcct gtggctacag agcagtacgg aaacgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actacagaaa atgtcaatca ccagggagcg 1800

ttacctggta tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgacggaca ctttcaccct tctccactga tgggaggttt tggactcaaa 1920

cacccgcctc ctcaaatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacgggcca ggtcagcgtg 2040

gagattgagt gggagctgca gaaggagaac agcaaacgct ggaaccccga gatccagtat 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggtgtgtat 2160

tcagagcctt gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 693

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 693

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Gln Asp Asn Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Ser Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Cys Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Pro Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Ser Asn Ser Gly Thr Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn

485 490 495
Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Glu His Val Met Ile Thr

545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Asn Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Glu Asn Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Cys Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 694

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 694

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatacctg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100
cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160
gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 695
<211> 737
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 695

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 696

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 696

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ctgccgtacg ttctcggctc tgcccaccag 1080

ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cccagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaacg gtagtcaggc cgtgggacgc tcctccttct actgcctgga atactttcct 1200

tcgcagatgc tgagaaccgg caacaacttc cagtttactt acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgccca cagccagagc ttggaccggc tgatgaatcc tctgattgac 1320

cagtacctgt actacttgtc tcggactcaa acaacaggag gcacggcaaa tacgcagact 1380

ctgggcttca gccaaggtgg gcctaataca atggccaatc aggcaaagaa ctggctgcca 1440

ggaccctgtt accgccaaca acgcgtctca acgacaaccg ggcaaaacaa caatagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 697

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 697

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser

450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 698

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 698

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcga 60

gagtggtggg cgctgcaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggaac ccgtcaacgc agcggacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 699

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 699

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 700

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 700

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caacccccgc tgctgtggga 600

cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacttaca acaaccatct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ttcaaacgac aaccactact ttggctacag cacccttgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380

cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440

ggaccctgtt accgccagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 701

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 701

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 702

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 702

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caacccccgc tgctgtggga 600

cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacttaca acaaccatct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ttcaaacgac aaccactact ttggctacag cacccttgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc cctcatcgac 1320

cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380

cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440

ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtgtacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 703

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 703

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 704
<211> 2214
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 704

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat gactgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 705

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 705

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr

225 230 235 240

Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr

245 250 255

Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn Thr

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn

485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575
Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 706

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 706

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

ccttttcaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 707

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 707

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 708

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 708

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caacccccgc tgctgtggga 600

cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacttaca acaaccatct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ttcaaacgac aaccactact ttggctacag cacccttgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380

cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440

ggaccctgtt accgccagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620
atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800
gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 709
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 709

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190
Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg

435 440 445

Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 710
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 710
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180
aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctccc 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctctac gggcatcggc 480

aagaaaggcc aacagcccgc cagaaaaaga ctcaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aacacctact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 711

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 711

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn Thr

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 712

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 712

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctcttcaa catccaggtc 960

aaagaggtta cggacaacaa tggagtcaag accatcgcca ataaccttac cagcacggtc 1020

caggtcttca cggactcaga ctatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc tcacgagggc 1080

tgcctcccgc cgttcccagc ggacgttttc atgattcctc agtacgggta tctgacgctt 1140

aatgatggaa gccaggccgt gggtcgttcg tccttttact gcctggaata tttcccgtcg 1200

caaatgctaa gaacgggtaa caacttccag ttcagctacg agtttgagaa cgtacctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagcctg gaccgactaa tgaatccact catcgaccaa 1320

tacttgtact atctctcaaa gactattaac ggttctggac agaatcaaca aacgctaaaa 1380

ttcagtgtgg ccggacccag caacatggct gtccagggaa gaaactacat acctggaccc 1440

agctaccgac aacaacgtgt ctcaaccact gtgactcaaa acaacaacag cgaatttgct 1500

tggcctggag cttcttcttg ggctctcaat ggacgtaata gcttgatgaa tcctggacct 1560

gctatggcca gccacaaaga aggagaggac cgtttctttc ctttgtctgg atctttaatt 1620

tttggcaaac aaggaactgg aagagacaac gtggatgcgg acaaagtcat gataaccaac 1680

gaagaagaaa ttaaaactac taacccggta gcaacggagt cctatggaca agtggccaca 1740

aaccaccaga gtgcccaagc acaggcgcag accggctggg ttcaaaacca aggaatactt 1800

ccgggtatgg tttggcagga cagagatgtg tacctgcaag gacccatctg ggccaagatt 1860

cctcacacgg acggcaactt ccacccgtct ccgctgatgg gcggctttgg cctgaaacat 1920

cctccgcctc agatcctgat caagaacacg cctgtacctg cggatcctcc gaccaccttc 1980

aaccagtcaa agctgaactc tttcatcacg caatacagca ccggacaggt cagcgtggaa 2040

attgaatggg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgctgga atcccgaagt gcagtataca 2100

tctaactatg caaaatctgc caacgttgat ttcactgtgg acaacaatgg actttatact 2160

gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtcccc tgtaa 2205

<210> 713

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 713

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro

```
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
            260                 265                 270
```

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe Glu
405 410 415

Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
435 440 445

Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala
450 455 460

Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro
465 470 475 480

Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn
485 490 495

Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg
500 505 510

Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly

515 520 525

Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln
530 535 540
Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn
545 550 555 560
Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly
565 570 575
Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly
580 585 590

Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro
645 650 655

Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
675 680 685
Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala
690 695 700
Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu Tyr Thr
705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730

<210> 714

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 714

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagt gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

accgacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 715

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 715

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Trp Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 716

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 716

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctcggcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtcttcatgg tgccacagta tggatacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggacttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 717

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 717

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Asp Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 718

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 718

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aactgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

accaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctcttcaa catccaggtc 960

aaagaggtta cggacaacaa tggagtcaag accatcgcca ataaccttac cagcacggtc 1020

caggtcttca cggactcaga ctatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc tcacgagggc 1080

tgcctcccgc cgttcccagc ggacgttttc atgattcctc agtacgggta tctgacgctt 1140

aatgatggaa gccaggccgt gggtcgttcg tccttttact gcctggaata tttcccgtcg 1200

caaatgctaa gaacgggtaa caacttccag ttcagctacg agtttgagaa cgtacctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagcctg gaccgactaa tgaatccact catcgaccaa 1320
tacttgtact atctctcaaa gactattaac ggttctggac agaatcaaca aacgctaaaa 1380
ttcagtgtgg ccggacccag caacatggct gtccagggaa gaaactacat acctggaccc 1440
agctaccgac aacaacgtgt ctcaaccact gtgactcaaa acaacaacag cgaatttgct 1500
tggcctggag cttcttcttg ggctctcaat ggacgtaata gcttgatgaa tcctggacct 1560
gctatggcca gccacaaaga aggagaggac cgtttctttc ctttgtctgg atctttaatt 1620
tttggcaaac aaggaactgg aagagacaac gtggatgcgg acaaagtcat gataaccaac 1680

gaagaagaaa ttaaaactac taacccggta gcaacggagt cctatggaca agtggccaca 1740
aaccaccaga gtgcccaagc acaggcgcag accggctggg ttcaaaacca aggaatactt 1800
ccgggtatgg tttggcagga cagagatgtg tacctgcaag gacccatctg ggccaagatt 1860
cctcacacgg acggcaactt ccacccgtct ccgctgatgg gcggctttgg cctgaaacat 1920
cctccgcctc agatcctgat caagaacacg cctgttcctg cgaatcctcc ggcggagttt 1980
tcagctacaa agtttgcttc attcatcacc cagtactcca caggacaagt gagtgtggaa 2040
attgaatggg agctgcagaa agaaaacagc aagcgctgga atcccgaagt gcagtacaca 2100

tccaattatg caaaatctgc caacgttgat tttactgtgg acaacaatgg actttatact 2160
gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctt accaaacctc tgtaa 2205

<210> 719
<211> 734
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 719

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Cys Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Thr Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe Glu
405 410 415

Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr
435 440 445
Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala
450 455 460
Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro
465 470 475 480

Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn
485 490 495
Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg
500 505 510
Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly
515 520 525
Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln
530 535 540

Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly

565 570 575

Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly

580 585 590

Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg

595 600 605

Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685

Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala

690 695 700

Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Lys Pro Leu

725 730

<210> 720

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 720

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgctaaaaag agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgacccaca acctctcgga gaacctccag caacccccgc tgctgtggga 600

cctactacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcaccagaac ctgggccctg cccacttaca acaaccatct ctacaagcaa 780

atctccagcc aatcaggagc ttcaaacgac aaccactact ttggctacag cacccttgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca actggggatt ccgacccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacttgag cagaacaaac actccaagtg gaaccaccac gcagtcaagg 1380

cttcagtttt ctcaggccgg agcgagtgac attcgggacc agtctaggaa ctggcttcct 1440

ggaccctgtt accgccagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 721

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 721

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445
Thr Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser

450 455 460
Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 722

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 722

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatggg 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcgcac 1080

cagggctgcc tccctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccgcaata cggctacctg 1140

acgctcaaca atggcagcca agccgtggga cgttcatcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaga tgctgagaac gggcaacaac tttaccttca gctacacctt tgaggaagtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa cccggagatc 2100

cagtacactt ccaactatta caagtctaat aatgttgaat ttgctgttaa tactgaaggt 2160

gtatatagtg aaccccgccc cattggcacc agatacctga ctcgtaatct gtaa 2214

<210> 723

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 723

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln
485 490 495
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 724

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 724

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctcttcaa catccaggtc 960

aaagaggtta cggacaacaa tggagtcaag accatcgcca ataaccttac cagcacggtc 1020

caggtcttca cggactcaga ctatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc tcacgagggc 1080

tgcctcccgc cgttcccagc ggacgttttc atgattcctc agtacgggta tctgacgctt 1140

aatgatggaa gccaggccgt gggtcgttcg tccttttact gcctggaata tttcccgtcg 1200

caaatgctaa gaacgggtaa caacttccag ttcagctacg agtttgagaa cgtacctttc 1260

catagcagct acgctcacag ccaaagcctg gaccgactaa tgaatccact catcgaccaa 1320

tacttgtact atctctcaaa gactattaac ggttctggac agaatcaaca aacgctaaaa 1380

ttcagtgtgg ccggacccag caacatggct gtccagggaa gaaactacat acctggaccc 1440

agctaccgac aacaacgtgt ctcaaccact gtgactcaaa acaacaacag cgaatttgct 1500

tggcctggag cttcttcttg ggctctcaat ggacgtaata gcttgatgaa tcctggacct 1560

gctatggcca gccacaaaga aggagaggac cgtttctttc ctttgtctgg atctttaatt 1620

tttggcaaac aaggaactgg aagagacaac gtggatgcgg acaaagtcat gataaccaac 1680

gaagaagaaa ttaaaactac taacccggta gcaacggagt cctatggaca agtggccaca 1740

aaccaccaga gtgcccaagc acaggcgcag accggctggg ttcaaaacca aggaatactt 1800

ccgggtatgg tttggcagga cagagatgtg tacctgcaag gacccatttg ggccaaaatt 1860

cctcacacgg acggcaactt tcacccttct ccgctgatgg gagggtttgg aatgaaacac 1920

ccgcctcctc agatcctcat caaaaacaca cctgtacctg cggatcctcc aacggccttc 1980

aacaaggaca agctgaactc tttcatcacc cagtattcta ctggccaagt cagcgtggag 2040

atcgagtggg agctgcagaa ggaaaacagc aagcgctgga accccgagat ccagtacacc 2100

tccaactact acaaatctac aagtgtggac tttgctgtta atacagaagg cgtgtactct 2160

gaaccccgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtaatc tgtaa 2205

<210> 725

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 725

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe Glu

405 410 415

Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys Thr

435 440 445

Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val Ala

450 455 460

Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly Pro

465 470 475 480

Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn Asn

485 490 495

Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly Arg

500 505 510

Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu Gly

515 520 525

Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys Gln

530 535 540

Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr Asn

545 550 555 560

Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr Gly

565 570 575

Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr Gly

580 585 590

Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620
Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro
645 650 655
Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu

675 680 685
Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr
690 695 700
Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser
705 710 715 720
Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 726
<211> 2217
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 726
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaacctccag cagcgccctc tggtgtggga 600

cctaatacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacatcggg aggagccacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tttcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgttct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtgttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctaacactca acaacggtag tcaggccgtg ggacgctcct ccttctactg cctggaatac 1200

tttccttcgc agatgctgag aaccggcaac aacttccagt ttacttacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcccacagc cagagcttgg accggctgat gaatcctctg 1320

attgaccagt acctgtacta cttgtctcgg actcaaacaa caggaggcac ggcaaatacg 1380

cagactctgg gcttcagcca aggtgggcct aatacaatgg ccaatcaggc aaagaactgg 1440

ctgccaggac cctgttaccg ccaacaacgc gtctcaacga caaccgggca aaacaacaat 1500

agcaactttg cctggactgc tgggaccaaa taccatctga atggaagaaa ttcattggct 1560

aatcctggca tcgctatggc aacacacaaa gacgacgagg agcgtttttt tcccagtaac 1620

gggatcctga tttttggcaa acaaaatgct gccagagaca atgcggatta cagcgatgtc 1680

atgctcacca gcgaggaaga aatcaaaacc actaaccctg tggctacaga ggaatacggt 1740

atcgtggcag ataacttgca gcagcaaaac acggctcctc aaattggaac tgtcaacagc 1800

caggggggcct tacccggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccccct ctcccctcat gggtggattc 1920

ggacttaaac atcctccgcc tcagatcctg atcaagaaca cgcctgtacc tgcggatcct 1980

ccgaccacct tcaaccagtc aaagctgaac tctttcatca cgcaatacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaattgaatg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaaccccgag 2100

atccagtaca cctccaacta ctacaaatct acaagtgtgg actttgctgt taatacagaa 2160

ggcgtgtact ctgaaccccg ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 727

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 727

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly
450 455 460

Phe Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr
515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 728

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 728

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcga 60

gagtggtggg cgctgcaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggaac ccgtcaacgc agcggacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 729

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 729

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 730

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 730

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcga 60

gagtggtggg cgctgcaacc tggagcccct aaacccaagg caaatcaaca acatcaggac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggaac ccgtcaacgc agcggacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctgta a 2211

<210> 731

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 731

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 732

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 732

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140
ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680
acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860
aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980
gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 733

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 733

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 734

<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 734

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca acggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaaccaccag cagcccccac aagtttggga 600

tctaatacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccttg cccacctaca ataaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa ccgcttccac tgccacttct cgccaagaga ctggcaaaga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaaact cttcaacatc 960

caagtcaagg aggtcacgac gaatgatggc gtcacgacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta tggatacctc 1140

accctgaaca acggaagtca agcggtggga cgctcatcct tttactgcct ggagtacttc 1200

ccttcgcaga tgctaaggac tggaaataac ttccaattca gctatacctt cgaggatgta 1260

ccttttcaca gcagctacgc tcacagccag agtttggatc gcttgatgaa tcctcttatt 1320

gatcagtatc tgtactacct gaacagaacg caaggaacaa cctctggaac aaccaaccaa 1380

tcacggctgc tttttagcca ggctgggcct cagtctatgt ctttgcaggc cagaaattgg 1440

ctacctgggc cctgctaccg gcaacagaga ctttcaaaga ctgctaacga caacaacaac 1500

agtaactttc cttggacagc agccagcaaa tatcatctca atggccgcga ctcgctggtg 1560

aatccaggac cagctatggc cagtcacaag gacgatgaag aaaaattttt ccctatgcac 1620

ggcaatctaa tatttggcaa agaagggaca acggcaagta acgcagaatt agataatgta 1680

atgattacgg atgaagaaga gattcgtacc accaatcctg tggcaacaga gcagtatgga 1740

actgtggcaa ataacttgca gagctcaaat acagctccca cgactagaac tgtcaatgat 1800

caggggggcct tacctggcat ggtgtggcaa gatcgtgacg tgtaccttca ggggcccatc 1860

tgggcaaaga ttccacacac ggacggacat tttcacccct ctcccctcat gggtggattc 1920

ggacttaaac accctcctcc gcagattctc atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1980

tcgaccacct tcagtgcggc aaagtttgct tccttcatca cacagtactc cacgggacag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaacccggag 2100

atccagtaca cttccaacta ttacaagtct aataatgttg aatttgctgt taatactgaa 2160

ggtgtatata gtgaaccccg ccccattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaa 2217

<210> 735

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 735

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Thr Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190
Pro Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn
260 265 270
His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn

485 490 495

Asp Asn Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val

545 550 555 560

Met Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Thr Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 736
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 736
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgatt tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatc 900

aacaacaatt ggggattccg gcccaagaga ctcagcttca agctcttcaa catccaggtc 960

aaggaggtca cgcagaatga aggcaccaag accatcgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct gattgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggactatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccg tctccgctga tgggcggctt tggcctgaaa 1920

catcctccgc ctcagatcct gatcaagaac acgcctgtac ctgcggatcc tccgaccacc 1980

ttcaaccagt caaagctgaa ctctttcatc actcagtatt ctactggcca agtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaagcgct ggaaccccga gatccagtac 2100

acctccaact actacaaatc tacaagtgtg gactttgctg ttaatacaga aggcgtgtac 2160

tctgaacccc gccccattgg cacccgttac ctcacccgta atctgtaa 2208

<210> 737

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 737

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Tyr Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp

645 650 655

Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 738

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 738

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccatttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacgac aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca gcagcgagta tcaaagacat ttgcggataa caacaacagt 1500

gaatactcgt ggactggagc taccaagtac cacctcaatg gcagagactc tctggtgaat 1560

ccgggcccgg ccatggcaag ccacaaggac gatgaagaaa agtttttttcc tcagagcggg 1620

gttctcatct ttgggaagca aggctcagag aaaacaaatg tggacattga aaaggtcatg 1680

attacagacg aagaggaaat caggacaacc aatcccgtgg ctacggagca gtatggttct 1740

gtatctacca acctccagag aggcaacaga caagcagcta ccgcagatgt caacacacaa 1800

ggcgttcttc caggcatggt ctggcaggac agagatgtgt accttcaggg gcccatctgg 1860

gcaaagattc cacacacgga cggacatttt caccctctc ccctcatggg tggattcgga 1920

cttaaacacc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacccgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcaccc agtattctac tggccaagtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccgccc cattggcacc cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 739

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 739

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

```
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
        195                 200                 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
                245                 250                 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
            260                 265                 270
```

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Phe Ala Asp
485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu
500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe
530 535 540
Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met
545 550 555 560
Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala
580 585 590

Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700
Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 740
<211> 2217

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 740

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccatcaccc cagcgttctc cagactcctc tacgggcatc 480

ggcaagaaag gccaacagcc cgccagaaaa agactcaatt ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagttc cagaccctca acctctcgga gaaccaccag cagcccccac aagtttggga 600

tctaatacaa tggcttcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga gggtgccgat 660

ggagtgggta attcctcagg aaattggcat tgcgattccc aatggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgcac ctgggccttg cccacctaca ataaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtg cttcaacggg ggccagcaac gacaaccact acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa ccgcttccac tgccacttct cgccaagaga ctggcaaaga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaaact cttcaacatc 960

caagtcaagg aggtcacgac gaatgatggc gtcacgacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta tggatacctc 1140

accctgaaca acggaagtca agcggtggga cgctcatcct tttactgcct ggagtacttc 1200

ccttcgcaga tgctaaggac tggaaataac ttccaattca gctatacctt cgaggatgta 1260

ccttttcaca gcagctacgc tcacagccag agtttggatc gcttgatgaa tcctcttatt 1320

gatcagtatc tgtactacct gaacagaacg caaggaacaa cctctggaac aaccaaccaa 1380

tcacggctgc tttttagcca ggctgggcct cagtctatgt ctttgcaggc cagaaattgg 1440

ctacctgggc cctgctaccg gcaacagaga ctttcaaaga ctgctaacga caacaacaac 1500

agtaactttc cttggacagc agccagcaaa tatcatctca atggccgcga ctcgctggtg 1560

aatccaggac cagctatggc cagtcacaag gacgatgaag aaaaattttt ccctatgcac 1620

ggcaatctaa tatttggcaa agaagggaca acggcaagta acgcagaatt agataatgta 1680

atgattacgg atgaagaaga gattcgtacc accaatcctg tggcaacaga gcagtatgga 1740

actgtggcaa ataacttgca gagctcaaat acagctccca cgactagaac tgtcaatgat 1800

caggggggcct tacctggcat ggtgtggcaa gatcgtgacg tgtaccttca ggggcccatc 1860

tgggcaaaga ttccacacac ggacggacat tttcacccct ctcccctcat gggtggattc 1920

ggacttaaac accctcctcc gcagattctc atcaagaaca ccccggtacc tgcgaatcct 1980

tcgaccacct tcagtgcggc aaagtttgct tccttcatca cacagtactc cacgggacag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggaaaaca gcaagcgctg gaacccggag 2100

atccagtaca cttccaacta ttacaagtct aataatgttg aatttgctgt taatactgaa 2160

ggtgtatata gtgaaccccg ccccattggc accagatacc tgactcgtaa tctgtaa 2217

<210> 741

<211> 738

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 741

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn

260 265 270

His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn

435 440 445

Arg Thr Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn

485 490 495

Asp Asn Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val

545 550 555 560

Met Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Thr Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 742
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 742
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360
gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540
tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600
aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660
gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780
tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960
aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080
tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200
cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620
atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040
gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 743

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 743

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 744

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 744

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc caaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacagca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac gactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgatt tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320
tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380
cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440
ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgagg ataacaacaa cagtgaatac 1500
tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560
ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680
gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740
accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800
cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860
attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920
caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980
ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100
acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 745
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 745

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Ser Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn Asp Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445

Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Glu Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 746
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 746
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttc 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcaacttca agctctttaa catccaggtc 960

aaggaggtca cgcagaatga aggcaccaag accatcgcca ataacctcac cagcaccatc 1020

caggtgttta cggactcgga gtaccagctg ccgtacgttc tcggctctgc ccaccagggc 1080

tgcctgcctc cgttcccggc ggacgtgttc atgattcccc agtacggcta cctaacactc 1140

aacaacggta gtcaggccgt gggacgctcc tccttctact gcctggaata ctttccttcg 1200

cagatgctga gaaccggcaa caacttccag tttacttaca ccttcgagga cgtgcctttc 1260

cacagcagct acgcccacag ccagagcttg gaccggctga tgaatcctct gattgaccag 1320

tacctgtatt acttgtctcg gactcaaaca acaggaggca cgacaaatac gcagactctg 1380

ggcttcagcc aaggtgggcc taatacaatg gccaatcagg caaagaactg gctgcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt tatgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acagggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc agggtcccat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cagatggaca ctttcacccg tcccctctta tgggcggctt tggactcaag 1920
aacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccggcagag 1980
ttttcagcta caaagtttgc ttcattcatc acccaatact ccacaggaca agtgagtgtg 2040
gaaattgaat gggagctgca gaaagaaaac agcaagcgct ggaatcccga agtgcagtac 2100
acatccaatt atgcaaaatc tgccaacgtt gattttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160
tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctcacccgta atctgtaa 2208

<210> 747
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 747

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445
Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser Gln
450 455 460
Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 748

<211> 2214

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 748

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgatttcaa cagattccac tgccatttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaattgggg attccggccc aagagactca acttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacgac aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca gcagcgagta tcaaagacat ttgcggataa caacaacagt 1500

gaatactcgt ggactggagc taccaagtac cacctcaatg gcagagactc tctggtgaat 1560

ccgggcccgg ccatggcaag ccacaaggac gatgaagaaa agtttttttcc tcagagcggg 1620

gttctcatct ttgggaagca aggctcagag aaaacaaatg tggacattga aaaggtcatg 1680

attacagacg aagaggaaat caggacaacc aatcccgtgg ctacggagca gtatggttct 1740

gtatctacca acctccagag aggcaacaga caagcagcta ccgcagatgt caacacacaa 1800

ggcgttcttc caggcatggt ctggcaggac agagatgtgt accttcaggg gcccatctgg 1860

gcaaagattc cacacacgga cggacatttt cacccctctc ccctcatggg tggattcgga 1920

cttaaacacc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacccgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcaccc agtattctac tggccaagtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccgccc cattggcacc cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 749

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 749

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Thr Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe
450 455 460
Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu
465 470 475 480
Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Phe Ala Asp

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met

545 550 555 560

Ile Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Gln Tyr Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala

580 585 590

Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 750

<211> 2196

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 750

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg caacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacga ggcggacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtccttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggtactcga gcctctgggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaagc ggccagtaga accggactcc agctcgggca tcggcaagtc aggccagcag 480

cccgcgaaaa agagactgaa ttttgggcag actggcgact cagagtcagt gcctgacccc 540

caacctctct cagaaccacc cgcaggtccc tctggtctgg gatctggtac aatggctgct 600

ggcggtggcg ctccaatggc agacaataac gaaggcgccg acggagtggg taatgtctca 660

ggaaattggc attgcgattc cacatggctg ggcgaccgag tcatcaccac cagcactcgg 720

acctgggccc tccccaccta caacaaccac ctctacaagc aaatctccaa cgggacctcg 780

ggaggcagca gcaacgacaa cacctacttt ggctacagca ccccctgggg gtattttgac 840

tttaacagat tccactgcca cttttcacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 900

tgggggttcc ggcccaagaa gctcaacttc aagctcttca acatccaggt caaggaggtc 960

acccagaatg aaggcaccaa gaccatcgcc aataacctca ccagcacggt gcaggtcttt 1020

acggactcgg agtaccagct cccgtacgtg ctcggctctg cccaccaggg ctgcctgcct 1080

ccgttcccgg cggacgtgtt catgattccg cagtacgggt acctgacgct gaacaacggg 1140

agccaggccg tggggcgatc ctccttctac tgcctggagt actttccctc gcagatgctg 1200

agaacgggca acaactttac cttcagctac accttcgagg acgtgccctt ccacagcagc 1260

tacgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaacccgc tgattgacca gtacctgtac 1320

tacctgtctc ggactcagac caacgggacc aatgccacgc agactctgtt gtttgctcag 1380

gccgggcctc agaacatgtc ggctcaggcc aagaactggc tgcctggtcc ttgctatcgg 1440

cagcagcgcg tctctacgac agtgtcgcaa aacaacaaca gcaactttac ctggaccggg 1500

gcgaccaagt accacctgaa cggccgagac tccctggtga gccccggtgt cgccatggca 1560

acgcacaagg acgacgagga gcgcttcttc ccgagcagcg gggtcctgat gtttggcaag 1620

cagggcgctg gaaaggacaa tgtcgagtac accaacgtga tgctcaccag cgaggaggag 1680

atcaagacca ccaaccctgt ggccacggag cagtacggcg tggtggctga caatctgcag 1740

cagaccaact cagctcccat tgtgggggca gtcaacagcc agggggcctt acccggtatg 1800

gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag ggtcccatct gggccaagat cccgcatacg 1860

gacggcaact ttcacccgtc tcctctcatg ggcggctttg gactgaaaca cccgcctccc 1920

cagatcctga tcaaaaacac gccggtacct gcggatcccc cggtgaactt tacggacgct 1980

aagctggcga gtttcatcac gcagtacagc accgggcagg tcagcgtgga gattgagtgg 2040

gagctgcaga aggagaacag caagcgctgg aatcccgaga ttcagtacac ttccaattat 2100

tataaatcag ctaatgtgga ctttgccgtc aatgcagatg gtgtatatag tgaaccccgc 2160

cccattggca ctcgttacct cacccgtaat ctgtaa 2196

<210> 751

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 751

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Ser Gly Gln Gln
145 150 155 160
Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser

165 170 175
Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Ser Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser Gly
180 185 190
Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp
195 200 205
Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Val Ser Gly Asn Trp His
210 215 220
Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240
Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser
245 250 255
Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285
Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300
Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320
Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335
Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350
Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val

370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro

405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Asn

435 440 445

Gly Thr Asn Ala Thr Gln Thr Leu Leu Phe Ala Gln Ala Gly Pro Gln

450 455 460

Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Thr Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu

500 505 510

Val Ser Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg

515 520 525

Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly

530 535 540

Lys Asp Asn Val Glu Tyr Thr Asn Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu

545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala

565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Ser Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn

580 585 590

Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr

595 600 605

Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
625 630 635 640

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Val Asn
645 650 655

Phe Thr Asp Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
660 665 670

Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys

675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Ala
690 695 700

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ala Asp Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg
705 710 715 720

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 752

<211> 2196

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 752

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg caacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacga ggcggacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtccttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggtactcga gcctctgggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaagc ggccagtaga accggactcc agctcgggca tcggcaagtc aggccggcag 480

cccgcgaaaa agagactgaa ttttgggcag actggcgact cagagtcagt gcctgacccc 540

caacctctct cagaaccacc cgcaggtccc tctggtctgg gatctggtac aatggctgca 600

ggcggtggcg ctccaatggc agacaataac gaaggcgccg acggagtggg taatgcctca 660

ggaaattggc attgcgattc cacatggctg ggcgaccgag tcatcaccac cagcactcgg 720

acctgggccc tccccaccta caacaaccac ctctacaagc aaatctccaa cgggacctcg 780

ggaggcagca gcaacgacaa cacctacttt ggctacagca ccccctgggg gtattttgac 840

tttaacagat tccactgcca cttttcacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 900

tggggattcc ggcccaagag gctcaacttc aagctcttca acatccaggt caaggaggtc 960

acccagaatg aaggcaccaa gaccatcgcc aataacctca ccagcacggt gcaggtcttt 1020

acggactcga agtaccagct cccgtacgtg ctcggctctg cccaccaggg ctgcctgcct 1080

ccgttcccgg cggacgtgtt catgattccg cagtacgggt acctgacgct gaacaacggg 1140

agccaggccg tggggcgatc ctccttctac tgcctggagt actttccctc gcagatgctg 1200

agaacgggca acaactttac cttcagctac accttcgagg acgtgccctt ccacagcagc 1260

tacgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaacccgc tgattgacca gtacctgtac 1320

tacctgtctc ggactcagac caacgggacc aatgccacgc agactctgtt gtttgctcag 1380

gccgggcctc agaacatgtc ggctcaggcc aagaactggc tgcctggtcc ttgctatcgg 1440

cagcagcgcg tctctacgac agtgtcgcaa aacaacaaca gcaactttac ctggaccggg 1500

gcgaccaagt accacctgaa cggccgagac tccctggtga accccggtgt cgccatggca 1560

acgcacaagg acgacgagga gcgcttcttc ccgagcagcg gggtcctgat gtttggcaag 1620

cagggcgctg gaaaggacaa tgtcgagtac accaacgtga tgctcaccag cgaggaggag 1680

atcaagacca ccaaccctgt ggccacggag cagtacggtg tggtggctga caatctgcag 1740

cagaccaact cggctcccat tgtgggggca gtcaacagcc agggggcctt acccggtatg 1800

gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag ggtcccatct gggccaagat cccgcatacg 1860

gacggcaact ttcacccgtc tcctctcatg ggcggctttg gactgaaaca cccgcctccc 1920

cagatcctga tcaaaaacac gccggtacct gcggatcccc cggtgaactt tacggacgct 1980

aagctggcga gtttcatcac gcagtacagc accgggcagg tcagcgtgga gattgagtgg 2040

gagctgcaga aggagaacag caagcgctgg aatcccgaga ttcagtacac ttccaattat 2100

tataaatcag ctaatgtgga ctttgccgtc aatgcagatg gtgtatatag tgaaccccgc 2160

cccattggca ctcgttacct cacccgtaat ctgtaa 2196

<210> 753

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 753

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Ser Gly Arg Gln
145 150 155 160

Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser
165 170 175

Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Ser Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser Gly
180 185 190

Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp
195 200 205

Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His
210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg
225 230 235 240

Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser
245 250 255

Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg
290 295 300

Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320

Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335

Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Lys Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val
370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Asn
435 440 445

Gly Thr Asn Ala Thr Gln Thr Leu Leu Phe Ala Gln Ala Gly Pro Gln
450 455 460

Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480

Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Thr Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu
500 505 510

Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
515 520 525

Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly
530 535 540

Lys Asp Asn Val Glu Tyr Thr Asn Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu
545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala
565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Ser Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn
580 585 590

Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr
595 600 605

Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe
610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
625 630 635 640

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Val Asn
645 650 655

Phe Thr Asp Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
660 665 670

Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Ala
690 695 700

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ala Asp Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg
705 710 715 720

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 754

<211> 2196

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 754

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg caacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacga ggcggacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtccttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggtactcga gcctctgggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaagc ggccagtaga accggactcc agctcgggca tcggcaagtc aggccagcag 480

cccgcgaaaa agagactgaa ttttgggccg actggcgact cagagtcagt gcctgacccc 540

caacctctct cagaaccacc tgcaggtccc tctggtctgg gatctggtac aatggctgca 600

ggcggtggcg ctccaatggc agacaataac gaaggcgccg acggagtggg taatgtctca 660

ggaaattggc attgcgattc cacatggctg ggcgaccgag tcatcaccac cagcactcgg 720

acctgggccc tccccaccta caacaaccac ctctacaagc aaatctccaa cgggacctcg 780

ggaggcagca gcaacgacaa cacctacttt ggctacagca ccccctgggg gtattttgac 840

tttaacagat tccactgcca cttttcacca cgcgactggc agcgactcat caacaacaac 900

tggggattcc ggcccaagaa gctcaacttc aagctcttca acatccaggt caaggaggtc 960

acccagaatg aaggcaccaa gaccaccgcc aataacctca ccagcacggt gcaggtcttt 1020

acggactcgg agtaccagct cccgtacgtg ctcggctctg cccaccaggg ctgcctgcct 1080

ccgttcccgg cggacgtgtt catgattccg cagtacgggt acctgacgct gaacaacggg 1140

agccaggccg tggggcgatc ctccttctac tgcctggagt actttccctc gcagatgctg 1200

agaacgggca acaactttac cttcagctac accttcgagg acgtgccctt ccacagcagc 1260

tacgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaacccgc tgattgacca gtacctgtac 1320

tacctgtctc ggactcagac caacgggacc aatgccacgc agactctgtt gtttgctcag 1380

gccgggcctc agaacatgtc ggctcaggcc aagaactggc tgcctggtcc ttgctatcgg 1440

cagcagcgcg tctctacggc agtgtcgcaa aacaacaaca gcaactttac ctggaccggg 1500

gcgaccaagt accacctgaa cggccgagac tccctggtga accccggtgt cgccatggca 1560

acgcacaagg acgacgagga gcgcttcttc ccgagcagcg gggtcctgat gtttggcaag 1620

cagggcgctg gaaaggacaa tgtcgagtac accaacgtga tgctcaccag cgaggaggag 1680

atcaagacca ccaaccctgt ggccacggag cagtacggtg tggtggctga caatctgcag 1740

cagaccaact cggctcccat tgtgggggca gtcaacagcc agggggcctt acccggtatg 1800

gtctggcaga accgggacgt gtacctgcag ggtcccatct gggccaagat cccgcatacg 1860

gacggcaact ttcacccgtc tcctctcatg ggcggctttg gactgaaaca cccgcctccc 1920

cagatcctga tcaaaaacac gccggtacct gcggatcccc cggtgaactt tacggacgct 1980

aagctggcga gtttcatcac gcagtacagc accgggcagg tcagcgtgga gattgagtgg 2040

gagctgcaga aggagaacag caagcgctgg aatcccgaga ttcagtacac ttccaattat 2100

tataaatcag ctaatgtgga ctttgccgtc aatgcagatg gtgtatatag cgaaccccgc 2160

cccattggca ctcgttacct cacccgtaat ctgtaa 2196

<210> 755

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 755

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys Ser Gly Gln Gln

145 150 155 160

Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Pro Thr Gly Asp Ser Glu Ser

165 170 175

Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Ser Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser Gly

180 185 190

Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp

195 200 205

Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Val Ser Gly Asn Trp His

210 215 220

Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg

225 230 235 240

Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser

245 250 255

Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr

260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe

275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val

305 310 315 320

Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Thr Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335

Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415
Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Thr Asn
435 440 445
Gly Thr Asn Ala Thr Gln Thr Leu Leu Phe Ala Gln Ala Gly Pro Gln
450 455 460
Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg
465 470 475 480
Gln Gln Arg Val Ser Thr Ala Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe
485 490 495

Thr Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu
500 505 510
Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg
515 520 525
Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly
530 535 540
Lys Asp Asn Val Glu Tyr Thr Asn Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu
545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala
565 570 575
Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Ser Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn
580 585 590
Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr
595 600 605
Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro
625 630 635 640
Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Val Asn
645 650 655
Phe Thr Asp Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly
660 665 670
Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys
675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Ala
690 695 700
Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ala Asp Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg
705 710 715 720
Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 756
<211> 4404
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 756
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgagggca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aggtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaacggccag 480

ccgcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 540
ccccaacctc tcggagaacc tcccgccgcg ccctcaggtc tgggatctgg tacaatggct 600
gcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 660

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 720

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 780

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 840

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 900

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 960

acgaacgacg gcgttacgac catcgctaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1020

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1080

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1140

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1200

acgggcgata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1260

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1320

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1380

cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1440

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1500

aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1560

aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1620

gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1680

accaatcccg tggctacaga agaatacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1740

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc caggggggctc tgcccggcat ggtctggcag 1800

aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 1860

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 1920

atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 1980

tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2040

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2100

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2160

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaaatg gctgccgatg gttatcttcc agattggctc 2220

gaggacaacc tctctgaggg cattcgcgag tggtgggact tgaaacctgg agccccgaaa 2280

cccaaagcca accagcaaaa gcaggacgac ggccggggtc tggtgcttcc tggctacaag 2340

tacctcggac ccttcaacgg actcgacaag ggggagcccg tcaacgcggc ggacgcagcg 2400

gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag cagctcaaag cgggtgacaa tccgtacctg 2460

cggtataacc acgccgacgc cgagtttcag gagcgtctgc aagaagatac gtcttttggg 2520

ggcaacctcg ggcgagcagt cttccaggcc aagaagcggg ttctcgaacc tctcggtctg 2580

gttgaggaag gcgctaagac ggctcctgga aagaagagac cggtagagcc atcaccccag 2640
cgttctccag actcctctac gggcatcggc aagaaaggcc agcagcccgc gaaaaagaga 2700
ctcaactttg ggcagactgg cgactcagag tcagtgcccg accctcaacc aatcggagaa 2760
ccccccgcag gcccctctgg tctgggatct ggtacaatgg ctgcaggcgg tggcgctcca 2820
atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga gtgggtagtt cctcaggaaa ttggcattgc 2880
gattccacat ggctgggcga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg ggccctcccc 2940
acctacaaca accacctcta caagcaaatc tccaacggga cttcgggagg aagcaccaac 3000

gacaacacct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgactttaa cagattccac 3060
tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg attccggccc 3120
aagagactca acttcaagct cttcaacatc caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc 3180
accaagacca tcgccaataa ccttaccagc acgattcagg tctttacgga ctcggaatac 3240
cagctcccgt acgtcctcgg ctctgcgcac cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac 3300
gtcttcatga ttcctcagta cgggtacctg actctgaaca atggcagtca ggccgtgggc 3360
cgttcctcct tctactgcct ggagtacttt ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac 3420

tttgagttca gctaccagtt tgaggacgtg ccttttcaca gcagctacgc gcacagccaa 3480
agcctggacc ggctgatgaa ccccctcatc gaccagtacc tgtactacct gtctcggact 3540
cagtccacgg gaggtaccgc aggaactcag cagttgctat tttctcaggc cgggcctaat 3600
aacatgtcgg ctcaggccaa aaactggcta cccgggccct gctaccggca gcaacgcgtc 3660
tccacgacac tgtcgcaaaa taacaacagc aactttgcct ggaccggtgc caccaagtat 3720
catctgaatg gcagagactc tctggtaaat cccggtgtcg ctatggcaac ccacaaggac 3780
gacgaagagc gatttttcc gtccagcgga gtcttaatgt ttgggaaaca gggagctgga 3840

aaagacaacg tggactatag cagcgttatg ctaaccagtg aggaagaaat taaaaccacc 3900
aacccagtgg ccacagaaca gtacggcgtg gtggccgata acctgcaaca gcaaaacgcc 3960
gctcctattg taggggccgt caacagtcaa ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac 4020
cgggacgtgt acctgcaggg tcctatctgg gccaagattc ctcacacgga cggaaacttt 4080
catccctcgc cgctgatggg aggctttgga ctgaaacacc cgcctcctca gatcctgatt 4140
aagaatacac ctgttcccgc ggatcctcca actaccttca gtcaagctaa gctggcgtcg 4200
ttcatcacgc agtacagcac cggacaggtc agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaaa 4260

gaaaacagca aacgctggaa cccagagatt caatacactt ccaactacta caaatctaca 4320

aatgtggact ttgctgttaa cacagatggc acttattctg agcctcgccc catcggcacc 4380

cgttacctca cccgtaatct gtaa 4404

<210> 757

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 757

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 758

<211> 3129

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 758

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaaag tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaagtttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcagagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca cgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

aaacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaaa aagacgtatc 720

ggaaactctg tgcgattcat catctgctgg gggcgggcac ccgagattgc ttgctcggcc 780

tgcgatctgg tcaacgtgga cctagatgac tgtgtttctg agcaataaat gacttaaacc 840

aggtatggct gccgatggtt atcttccaga ttggctcgag gacaacctct ctgagggcat 900

tcgcgagtgg tgggacttga aacctggagc cccgaaaccc aaagccaacc agcaaaagca 960

ggacgacggc cggggtctgg tgcttcctgg ctacaagtac ctcggaccct tcaacggact 1020

cgacaagggg gagcccgtca acgcggcgga cgcagcggcc ctcgagcacg acaaggccta 1080

cgaccagcag ctcaaagcgg gtgacaatcc gtacctgcgg tataaccacg ccgacgccga 1140

gtttcaggag cgtctgcaag aagatacgtc ttttgggggc aacctcgggc gagcagtctt 1200

ccaggccaag aagcgggttc tcgaacctct cggtctggtt gaggaaggcg ctaagacggc 1260
tcctggaaag aagagaccgg tagagccatc accccagcgt tctccagact cctctacggg 1320
catcggcaag aaaggccagc agcccgcgaa aaagagactc aactttgggc agactggcga 1380
ctcagagtca gtgcccgacc ctcaaccaat cggagaaccc cccgcaggcc cctctggtct 1440
gggatctggt acaatggctg caggcggtgg cgctccaatg gcagacaata acgaaggcgc 1500
cgacggagtg ggtagttcct caggaaattg gcattgcgat tccacatggc tgggcgacag 1560
agtcatcacc accagcaccc gaacctgggc cctccccacc tacaacaacc acctctacaa 1620

gcaaatctcc aacgggactt cgggaggaag caccaacgac aacacctact tcggctacag 1680
caccccctgg gggtattttg actttaacag attccactgc cacttctcac cacgtgactg 1740
gcagcgactc atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt 1800
caacatccag gtcaaggagg tcacgcagaa tgaaggcacc aagaccatcg ccaataacct 1860
taccagcacg attcaggtct ttacggactc ggaataccag ctcccgtacg tcctcggctc 1920
tgcgcaccag ggctgcctgc ctccgttccc ggcggacgtc ttcatgattc ctcagtacgg 1980
gtacctgact ctgaacaatg gcagtcaggc cgtgggccgt tcctccttct actgcctgga 2040

gtactttcct tctcaaatgc tgagaacggg caacaacttt gagttcagct accagtttga 2100
ggacgtgcct tttcacagca gctacgcgca cagccaaagc ctggaccggc tgatgaaccc 2160
cctcatcgac cagtacctgt actacctgtc tcggactcag tccacgggag gtaccgcagg 2220
aactcagcag ttgctatttt ctcaggccgg gcctaataac atgtcggctc aggccaaaaa 2280
ctggctaccc gggccctgct accggcagca acgcgtctcc acgacactgt cgcaaaataa 2340
caacagcaac tttgcctgga ccggtgccac caagtatcat ctgaatggca gagactctct 2400
ggtaaatccc ggtgtcgcta tggcaaccca caaggacgac gaagagcgat tttttccgtc 2460

cagcggagtc ttaatgtttg ggaaacaggg agctggaaaa gacaacgtgg actatagcag 2520
cgttatgcta accagtgagg aagaaattaa aaccaccaac ccagtggcca cagaacagta 2580
cggcgtggtg gccgataacc tgcaacagca aaacgccgct cctattgtag gggccgtcaa 2640
cagtcaagga gccttacctg gcatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc 2700
tatctgggcc aagattcctc acacggacgg aaactttcat ccctcgccgc tgatgggagg 2760
ctttggactg aaacacccgc ctcctcagat cctgattaag aatacacctg ttcccgcgga 2820
tcctccaact accttcagtc aagctaagct ggcgtcgttc atcacgcagt acagcaccgg 2880

acaggtcagc gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaaccc 2940

agagattcaa tacacttcca actactacaa atctacaaat gtggactttg ctgttaacac 3000

agatggcact tattctgagc ctcgccccat cggcacccgt tacctcaccc gtaatctgta 3060

attgcttgtt aatcaataaa ccggttgatt cgtttcagtt gaactttggt ctctgcgaag 3120

ggcgaattc 3129

<210> 759

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 759

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Asp

705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 760
<211> 733
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 760
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Arg Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255

Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly
260 265 270

Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His
275 280 285

Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe
290 295 300

Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
305 310 315 320

Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
325 330 335

Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu
340 345 350

Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe
355 360 365

Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala
370 375 380

Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met
385 390 395 400
Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val
405 410 415

Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met
420 425 430
Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser
435 440 445
Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly
450 455 460
Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys
465 470 475 480

Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser
485 490 495
Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp
500 505 510
Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Gly Asp Glu
515 520 525
Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly
530 535 540

Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu
545 550 555 560
Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val
565 570 575
Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala
580 585 590
Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly
610 615 620
Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro

645 650 655

Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn

675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys

690 695 700

Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu

705 710 715 720

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 761

<211> 2501

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 761

gaattcgccc ttggctgcgt caactggacc aatgagaact ttcccttcaa cgattgcgtc 60

gacaagatgg tgatctggtg ggaggagggc aagatgacgg ccaaggtcgt ggagtccgcc 120

aaggccattc atcatctgct ggggcgggct cccgagattg cttgctcggc ctgcgatctg 180

gtcaacgtgg acctggatga ctgtgtttct gagcaataaa tgacttaaac caggtatggc 240

tgccgatggt tatcttccag attggctcga ggacaacctc tctgagggca ttcgcgagtg 300

gtgggacttg agacctggag ccccgaaacc caaagccaac cagcaaaagc aggacgacgg 360

ccggggtctg gtgcttcctg gctacaagta cctcggaccc ttcaacggac tcgacaaggg 420

agagccggtc aacgaggcag acgccgcggc cctcgagcac gacaaggcct acgacaagca 480

gctcgagcag ggggacaacc cgtacctcaa gtacaaccac gccgacgccg agtttcagga 540

gcgtcttcaa gaagatacgt cttttggggg caacctcggg cgagcagtct tccaggccaa 600

gaagcgggtt ctcgaacctc tcggtctggt tgaggaaggc gctaagacgg ctcctggaaa 660

gaagagaccc atagaatccc ccgactcctc cacgggcatc ggcaagaaag gccagcagcc 720

cgctaaaaag agactcaact ttgggcagac tggcgactca gagtcagtgc ccgaccctca 780

accaatcgga gaacccccg caggcccctc tggtctggga tctggcacaa tggctgcagg 840

cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac ggagtgggta gttcctcagg 900

aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc atcaccacca gcacccgaac 960

ctgggccctc cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa atctccaacg ggacatcggg 1020

aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc ccctgggggt attttgactt 1080

taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag cgactcatca acaacaactg 1140

gggattccgg cccaagagac tcaacttcaa gctcttcaac atccaggtca aggaggtcac 1200

gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc agcacgattc aggtctttac 1260

ggactcggaa taccagctcc cgtacgtcct cggctctgcg caccagggct gcctgcctcc 1320

gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacgggtac ctgactctga acaacggcag 1380

tcaggccgtg ggccgttcct ccttctactg cctggagtac tttccttctc aaatgctgag 1440

aacgggcaac aactttgagt tcagctacca gtttgaggac gtgcctttc acagcagcta 1500

tgcgcacagc caaagcctgg accggctgat gaaccccctc atcgaccagt acctgtacta 1560

cctgtctcgg actcagtcca cgggaggtac cgcaggaact cagcagttgc tattttctca 1620

ggccgggcct aataacatgt cggctcaggc caaaaactgg ctacccgggc cctgctaccg 1680

gcagcaacgc gtctccacga cagtgtcgca aaataacaac agcaactttg cttggaccgg 1740

tgccaccaag tatcatctga atggcagaga ctctctggta aatcccggtg tcgctatggc 1800

aacgcacaag ggcgacgaag agcgattttt tccatccagc ggagtcttga tgtttgggaa 1860

acagggagct ggaaaagaca acgtagacta tagcagcgtt atgctaacca gtgaggaaga 1920

aatcaaaacc accaacccag tggccacaga acagtacggc gtggtggccg ataacctgca 1980

acagcaaaac gccgctccta ttgtaggggc cgtcaacagt caaggagcct tacctggcat 2040

ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatc tgggccaaga ttcctcacac 2100

ggacggcaac tttcatcctt cgccgctgat gggaggcttt ggactgaaac acccgcctcc 2160

tcagatcctg attaagaata cacctgttcc cgcggatcct ccaactacct tcagtcaagc 2220

caagctggcg tcgttcatca cgcagtacag caccggacag gtcagcgtgg aaattgaatg 2280

ggagctgcag aaagagaaca gcaagcgctg gaacccagag attcagtata cttccaacta 2340

ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatactgag ggtacttatt cagagcctcg 2400

ccccattggc acccgttacc tcacccgtaa cctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg 2460

ttgattcgtt tcagttgaac tttggtctca agggcgaatt c 2501

<210> 762

<211> 2187

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 762

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcaa gaaaggccag 480

cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 540

ccccaacctc tcggagaacc tcccgccgcg ccctcaggtc tgggatctgg tacaatggct 600

gcaggcggtg gcgcaccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 660

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 720

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 780

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 840

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 900

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 960

acgaacgacg gcgttacgac catcgctaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1020

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1080

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1140

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1200

acgggcaata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1260

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1320

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1380

cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1440

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1500

aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1560

aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg cgaaacgggg 1620

gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1680

accaatcccg tggctacaga agaatacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1740

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc caggggggctc tgcccggcat ggtctggcag 1800

aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 1860

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 1920

atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 1980

tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2040

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2100

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2160

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaa 2187

<210> 763

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 763

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Glu Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 764

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 764

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320
Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380
Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 765

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 765

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460

Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525

Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540

Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly

580 585 590

Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly

595 600 605

Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620

Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu

625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 766

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 766

Met Ala Ala Asp Gly His Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly
260 265 270
Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His
275 280 285

Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Ser Trp Gly Phe
290 295 300

Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu
305 310 315 320
Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser
325 330 335
Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu
340 345 350
Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe
355 360 365

Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala
370 375 380
Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met
385 390 395 400
Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val
405 410 415
Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met
420 425 430

Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser
435 440 445
Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly
450 455 460
Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys
465 470 475 480
Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn Asn Asn Ser
485 490 495

Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp
500 505 510
Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu
515 520 525
Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly

530 535 540

Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu
545 550 555 560

Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val
565 570 575

Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala
580 585 590

Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605

Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly
610 615 620

Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro
645 650 655

Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670

Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn
675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys
690 695 700

Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu
705 710 715 720

Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730

<210> 767

<211> 3113

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 767

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg cttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca gcatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtca tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagacccat agaatccccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320

cagcagcccg ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgccc 1380

gaccctcaac caatcggaga acccccccgca ggcccctctg gtctgggatc tggtacaatg 1440

gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg agtgggtagt 1500

tcctcaggaa attggcattg cgattccaca tagctgggcg acagagtcat caccaccagc 1560

acccgaacct gggccctccc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat ctccaacggg 1620

acatcgggag gaagcaccaa cgacaacacc tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680

tttgacttta acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740

aacagctggg gattccggcc caagagactc aacttcaagc tcttcaacat ccaggtcaag 1800

gaggtcacgc agaatgaagg caccaagacc atcgccaata accttaccag cacgattcag 1860

gtctttacgg actcggaata ccagctcccg tacgtcctcg gctctgcgca ccagggctgc 1920

ctgcctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acgggtacct gactctgaac 1980

aacggcagtc aggccgtggg ccgttcctcc ttctactgcc tggagtactt tccttctcaa 2040

atgctgagaa cgggcaacaa ctttgagttc agctaccagt ttgaggacgt gcctttтcac 2100

agcagctacg cgcacagcca aagcctggac cggctgatga acccccctcat cgaccagtac 2160

ctgtactacc tgtctcggac tcagtccacg ggaggtaccg caggaactca gcagttgcta 2220

ttttctcagg ccgggcctaa taacatgtcg gctcaggcca aaaactggct acccgggccc 2280

tgctaccggc agcaacgcgt ctccacgaca ctgtcgcaaa ataacaacag caactttgct 2340

tggaccggtg ccaccaagta tcatctgaat ggcagagact ctctggtaaa tcccggtgtc 2400

gctatggcaa cgcacaagga cgacgaagag cgatttttc catccagcgg agtcttgatg 2460

tttgggaaac agggagctgg aaaagacaac gtggactata gcagcgttat gctaaccagt 2520

gaggaagaaa tcaaaaccac caacccagtg gccacagaac agtacggcgt ggtggccgat 2580

aacctgcaac agcaaaacgc cgctcctatt gtaggggccg tcaacagtca aggagcctta 2640

cctggcatgg tctggcagaa ccgggacgtg tacctgcagg gtcctatctg ggccaagatt 2700

cctcacacgg acggcaactt tcatccttcg ccgctgatgg gaggctttgg actgaaacac 2760

ccgcctcctc agatcctgat taagaataca cctgttcccg cggatcctcc aactaccttc 2820

agtcaagcca agctggcgtc gttcatcacg cagtacagca ccggacaggt cagcgtggaa 2880

attgaatggg agctgcagaa agagaacagc aagcgctgga acccagagat tcagtatact 2940

tccaactact acaaatctac aaatgtggac tttgctgtca atactgaggg tacttattca 3000

gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtaacc tgtaattgcc tgttaatcaa 3060

taaaccggtt aattcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttc 3113

<210> 768

<211> 731

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 768

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Arg Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Arg Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly

435 440 445

Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn

450 455 460

Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu

500 505 510

Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg

515 520 525

Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly

530 535 540

Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu

545 550 555 560

Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala

565 570 575

Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala Val Asn

580 585 590

Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Ala Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr

595 600 605

Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe

610 615 620

His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro

625 630 635 640

Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr

645 650 655

Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly

660 665 670

Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys

675 680 685

Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr

690 695 700

Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg

705 710 715 720

Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 769

<211> 3106

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 769

gaattcgccc ttctacggct gcgtcaactg gaccaatgag aactttccct tcaacgattg 60

cgtcgacaag atggtgatct ggtgggagga gggcaagatg acggccaagg tcgtggagtc 120

cgccaaggcc attctcggcg gcagcaaggt gcgcgtggac caaaagtgca agtcgtccgc 180

ccagatcgac cccacccccg tgatcgtcac ctccaacacc aacatgtgcg ccgtgattga 240

cgggaacagc accaccttcg agcaccagca gccgttgcag gaccggatgt tcaaatttga 300

actcacccgc cgtctggagc atgactttgg caaggcgaca aagcaggaag tcaaagagtt 360

cttccgctgg gcgcaggatc acgtgaccga ggtggcgcat gagttctacg tcagaaaggg 420

tggagccaac aagagacccg cccccgatga cgcggataaa agcgagccca agcgggcccg 480

cccctcagtc gcggatccat cgacgtcaga cgcggaagga gctccggtgg actttgccga 540

caggtaccaa aacaaatgtt ctcgtcacgc gggcatgctt cagatgctgt ttccctgcaa 600

aacatgcgag agaatgaatc agaatttcaa catttgcttc acgcacggga ccagagactg 660

ttcagaatgt ttccccggcg tgtcagaatc tcaaccggtc gtcagaaaga ggacgtatcg 720

gaaactctgt gccattcatc atctgctggg gcgggctccc gagattgctt gctcggcctg 780

cgatctggtc aacgtggacc tggatgactg tgtttctgag caataaatga cttaaaccag 840

gtatggctgc cgatggttat cttccagatt ggctcgagga caacctctct gagggcattc 900

gcgagtggtg ggacttgaaa cctggagccc cgaaacccaa agccaaccag caaaagcagg 960

acgacggccg gggtctggtg cttcctggct acaagtacct cggacccttc aacggactcg 1020

acaagggaga gccggtcaac gaggcagacg ccgcggccct cgagcacgac aaggcctacg 1080

acaagcagct cgagcagggg gacaacccgt acctcaagta caaccacgcc gacgccgagt 1140

ttcaggagcg tcttcaagaa gatacgtctt ttgggggcaa cctcgggcga gcagtcttcc 1200

gggccaagaa gcgggttctc gaacctctcg gtctggttga ggaaggcgct aagacggctc 1260

ctggaaagaa gagacccata gaatcccccg actcctccac gggcatcggc aagaaaggcc 1320

agcagcccgc taaaaagaag ctcaactttg ggcagactgg cgactcagag tcagtgcccg 1380

acccccaacc tctcggagaa cctcccgccg cgccctcagg tctgggatct ggtacaatgg 1440

ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga gtgggtaatg 1500

cctccggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc accaccagca 1560

cccgcacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcagata tcaagtcaga 1620

gcggggctac caacgacaac cacttcttcg gctacagcac cccctggggc tattttgact 1680

tcaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatc aacaacaacc 1740

ggggattccg gcccagaaag ctgcggttca agttgttcaa catccaggtc aaggaggtca 1800

cgacgaacga cggcgttacg accatcgcta ataaccttac cagcacgatt caggtcttct 1860

cggactcgga gtaccaactg ccgtacgtcc tcggctctgc gcaccagggc tgcctccctc 1920

cgttccctgc ggacgtgttc atgattcctc agtacggata tctgactcta aacaacggca 1980

gtcagtctgt gggacgttcc tccttctact gcctggagta ctttccttct cagatgctga 2040

gaacgggcaa taactttgaa ttcagctacc agtttgagga cgtgcccttt cacagcagct 2100

acgcgcacag ccaaagcctg gaccggctga tgaacccccc catcgaccag tacctgtact 2160

acctgtctcg gactcagtcc acgggaggta ccgcaggaac tcagcagttg ctattttctc 2220

aggccgggcc taataacatg tcggctcagg ccaaaaactg gctacccggg ccctgctacc 2280

ggcagcaacg cgtctccacg acactgtcgc aaaataacaa cagcaacttt gcttggaccg 2340

gtgccaccaa gtatcatctg aatggcagag actctctggt aaatcccggt gtcgctatgg 2400

caacgcacaa ggacgacgaa gagcgatttt ttccatccag cggagtcttg atgtttggga 2460

aacagggagc tggaaaagac aacgtggact atagcagcgt tatgctaacc agtgaggaag 2520

aaatcaaaac caccaaccca gtggccacag aacagtacgg cgtggtggcc gataacctgc 2580

aacagcaaaa cgccgctcct attgtagggg ccgtcaacag tcaaggagcc ttacctggca 2640

tggcctggca gaaccgggac gtgtacctgc agggtcctat ctgggccaag attcctcaca 2700

cggacggcaa ctttcatcct tcgccgctga tgggaggctt tggactgaaa cacccgcctc 2760

ctcagatcct gattaagaat acacctgttc ccgcggatcc tccaactacc ttcagtcaag 2820

ccaagctggc gtcgttcatc acgcagtaca gcaccggaca ggtcagcgtg gaaattgaat 2880

gggagctgca gaaagagaac agcaagcgct ggaacccaga gattcagtat acttccaact 2940

actacaaatc tacaaatgtg gactttgctg tcaatactga gggtacttat tcagagcctc 3000

gccccattgg cacccgttac ctcacccgta acctgtaatt gcctgttaat caataaaccg 3060

gttaattcgt ttcagttgaa ctttggtctc tgcgaagggc gaattc 3106

<210> 770

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 770

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 771

<211> 3197

<212

> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 771

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gacaagcagc tcgagcaggg ggacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380

tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040

tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100
gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160
ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220
actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280
tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340
aacagcaact ttgcttggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400
gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacgcac aaggacgacg aagagcgatt ttttccatcc 2460

agcggagtct tgatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520
gttatgctaa ccagtgagga agaaatcaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580
ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640
agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700
atctgggcca agattcctca cacggacggc aactttcatc cttcgccgct gatgggaggc 2760
tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820
cctccaacta ccttcagtca agccaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880

caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaga acagcaagcg ctggaaccca 2940
gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000
gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa 3060
ttgcctgtta atcaataaac cggttaattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120
gcgaattcgt ttaaacctgc aggactagtc cctttagtga gggttaattc tgagcttggc 3180
gtaatcatgg gtcatag 3197

<210> 772
<211> 735
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 772

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asp Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly

530 535 540

Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr
545 550 555 560

Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr
565 570 575

Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr
580 585 590

Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Asp Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr
705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 773

<211> 3276

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 773

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga attaaccggt ttattgatta 60

acaggcaatt acaggttacg ggtgaggtaa cgggtgccaa tggggcgagg ctcagtataa 120

acccctcgt tgttgacagc aaattccaca ttattagact tggcataatt tgaggtgtac 180

tgaatctctg gattccagcg tttgctgttt tctttctgca gttcccactc gatctccacg 240

ctgacctggc cggtgctgta ctgcgtgata aatgaggcaa acttggcagg agtaaacacc 300

tctggaggat tagcaggtac cggggtgttt ttgatgagaa tttgaggagg cgggtgtttg 360

agtccaaatc cgtccatcag gggagacggg tgaaagttgc cgtccgtgtg aggaattttg 420

gcccagatgg gaccctgcag gtacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc gggcagagcc 480

ccctggctgt tgacagtctg tgtctggggt ccggccgtag acgattgcag gttgctggag 540

accacaccgt attcttctgt agccacggga ttggtggttt tgatctcctc ctcgctggtc 600

attagcacgt tttccagcgt tgtcttgttg gcagcccccg ttttgccaaa aaccagcact 660

ccgttgatgg gaaagaactg gtcctcgtcg tccttgttgg tggccatggc tacgcccggg 720

ttggttaatg aatttctacc attcagatgg tatttagtgg ccccggtcca ggcaaagtta 780

ctgttgttgt tgctgtctat gttttttgac agtctctgct gccgataaca gggtccgggc 840

agccagttct ttgattgctc ggccatggtg ttgggcccag cctgatggaa ctgcagctcc 900

cttgtggacc ccgtagtgct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgagg 960

ggattcatca gccggtccag gctctggcta tgcgcatagc tgctgtggaa aggcacttcc 1020

tcaaaggtgt agctgaattc aaagttattg cccgttctca gcatctgaga aggaaagtac 1080

tccaggcagt agaaggagga acgtcccaca gactgactgc cgttgtttag agtcagatat 1140

ccgtactgag gaatcatgaa cacgtccgca gggaacggag ggaggcagcc ctggtgcgca 1200

gagccgagga cgtacggcag ttggtactcc gagtccgaga agacctgaat cgtgctggta 1260

aggttattag cgatggtcgt aacgccgtcg tccgtcgtga cctccttgac ctggatgttg 1320

aacaacttga accgcagctt tctgggccgg aatccccagt tgttgttgat gagtcgctgc 1380

cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaat ctgttaaagt caaaataccc ccaggggtg 1440

ctgtagccga agtaggtgtt gtcgttggtg cttcctcccg atgtcccgtt ggagatttgc 1500

ttgtagaggt ggttgttgta ggtggggagg gcccaggttc gggtgctggt ggtgatgact 1560

ctgtcgccca gccatgtgga atcgcaatgc caatttcctg aggaactacc cactccgtcg 1620

gcgccttcgt tattgtctgc cattggagcg ccaccgcctg cagccattgt accagatccc 1680

agaccagagg ggcctgcggg gggttctccg attggttgag ggtcgggcac tgactctgag 1740

tcgccagtct gcccaaagtt gagtctcttt ttcgcgggct gctggcctgt cttgccgatg 1800

cccgtagagg agtctggaga acgctggggt gatggctcta ccggtctctt ctttccagga 1860

gccgtcttag cgccttcctc aaccagaccg agaggttcga gaacccgctt cttggcctgg 1920

aagactgctc gcccgaggtt gcccccaaaa gacgtatctt cttgaagacg ctcctgaaac 1980

tcggcgtcgg cgtggttgta cttgaggtac gggttgtccc cctgctcgag ctgcttgtcg 2040

taggccttgt cgtgctcgag ggccgcggcg tctgcctcgt tgaccggctc tcccttgtcg 2100

agtccgttga agggtccgag gtacttgtag ccaggaagca ccagaccccg gccgtcgtcc 2160

tgcttttgct ggttggcttt gggtttcggg gctccaggtt tcaagtccca ccactcgcga 2220

atgccctcag agaggttgtc ctcgagccaa tctggaagat aaccatcggc agccatacct 2280

ggtttaagtc atttattgct cagaaacaca gtcatccagg tccacgttga ccagatcgca 2340

ggccgagcaa gcaatctcgg gagcccgccc cagcagatga tgaatggcac agagtttccg 2400

atacgtcctc tttctgacga ccggttgaga ttctgacacg ccggggaaac attctgaaca 2460

gtctctggtc ccgtgcgtga agcaaatgtt gaaattctga ttcattctct cgcatgtctt 2520

gcagggaaac agcatctgaa gcatgcccgc gtgacgagaa cacttgtttt ggtacctgtc 2580

ggcaaagtcc accggagctc cttccgcgtc tgacgtcgat ggatgcaaaa tgtcgcaaaa 2640

gcactcacgt gacagctaat acaggaccac tcccctatga cgtgatttac gtcagcgcta 2700

tgcccgcgtg acgagaacat ttgttttggt acctgtcggc aaagtccacc ggagctcctt 2760

ccgcgtctga cgtcgatgga tccgcgactg aggggcaggc ccgcttgggc tcgcttttat 2820

ccgcgtcatc gggggcgggt ctcttgttgg ctccaccctt tctgacgtag aactcatgcg 2880

ccacctcggt cacgtgatcc tgcgcccagc ggaagaactc tttgacttcc tgctttgtca 2940

ccttgccaaa gtcatgctcc agacggcggg tgagttcaaa tttgaacatc cggtcctgca 3000

acggctgctg gtgctcgaag gtggtgctgt tcccgtcaat cacggcgcac atgttggtgt 3060

tggaagtgac gatcacgggg gtgggatcga tctgggcgga agacttgcac ttttggtcca 3120

cgcgcacctt gctgccgccg agaatggcct tggcggactc cacgaccttg gccgtcatct 3180

tgccctcctc ccaccagatc accatcttgt cgacgcaatc gttgaaggga aagttctcat 3240

tggtccagtt gacgcagccg tagaaagggc gaattc 3276

<210> 774

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 774

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Val Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 775

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 775

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 776

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 776

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 777
<211> 728
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 777
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Arg Lys Gly Gln

145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu

165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser

180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala

195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser

260 265 270

Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser

275 280 285

Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro

290 295 300

Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr

305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile

325 330 335

Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser

340 345 350

Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

355 360 365

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly

370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445
Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp

485 490 495
Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510
Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr

545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575
Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser

610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro

645 650 655

Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser

660 665 670

Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn

675 680 685

Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu

690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly

705 710 715 720

Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 778

<211> 2489

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 778

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtgaagt 120

ccgccaaggc cattcatcat ctgctggggc gggctcccga gattgcttgc tcggcctgcg 180

atctggtcaa cgtggacctg gatgactgtg tttctgagca ataaatgact taaaccaggt 240

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 300

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 360

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 420

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 480

aagcagctcg agcaggggga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 540

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 600

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 660

ggaaagaaga gacccataga atcccccgac tcctccacgg gcatcggcag gaaaggccag 720

cagcccgcta aaaagaagct caactttggg cagactggcg actcagagtc agtgcccgac 780

cctcaaccaa tcggagaacc ccccgcaggc ccctctggtc tgggatctgg tacaatggct 840

gcaggcggtg gcgctccaat ggcagacaat aacgaaggcg ccgacggagt gggtaatgcc 900

tccggaaatt ggcattgcga ttccacatgg ctgggcgaca gagtcatcac caccagcacc 960

cgcacctggg ccctgcccac ctacaacaac cacctctaca agcagatatc aagtcagagc 1020

ggggctacca acgacaacca cttcttcggc tacagcaccc cctggggcta ttttgacttc 1080

aacagattcc actgccactt ctcaccacgt gactggcagc gactcatcaa caacaactgg 1140

ggattccggc ccagaaagct gcggttcaag ttgttcaaca tccaggtcaa ggaggtcacg 1200

acgaacgacg gcgttacgac catcgccaat aaccttacca gcacgattca ggtcttctcg 1260

gactcggagt accaactgcc gtacgtcctc ggctctgcgc accagggctg cctccctccg 1320

ttccctgcgg acgtgttcat gattcctcag tacggatatc tgactctaaa caacggcagt 1380

cagtctgtgg gacgttcctc cttctactgc ctggagtact ttccttctca gatgctgaga 1440

acgggcaata actttgaatt cagctacacc tttgaggaag tgcctttcca cagcagctat 1500

gcgcacagcc agagcctgga ccggctgatg aatcccctca tcgaccagta cctgtactac 1560

ctggcccgga cccagagcac tacggggtcc acaagggagc tgcagttcca tcaggctggg 1620

cccaacacca tggccgagca atcaaagaac tggctgcccg gaccctgtta tcggcagcag 1680

agactgtcaa aaaacataga cagcaacaac aacagtaact ttgcctggac cggggccact 1740

aaataccatc tgaatggtag aaattcatta accaacccgg gcgtagccat ggccaccaac 1800

aaggacgacg aggaccagtt ctttcccatc aacggagtgc tggtttttgg caaaacgggg 1860

gctgccaaca agacaacgct ggaaaacgtg ctaatgacca gcgaggagga gatcaaaacc 1920

accaatcccg tggctacaga agaatacggt gtggtctcca gcaacctgca atcgtctacg 1980

gccggacccc agacacagac tgtcaacagc caggggggctc tgcccggcat ggtctggcag 2040

aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaac 2100

tttcacccgt ctcccctgat gggcggattt ggactcaaac acccgcctcc tcaaattctc 2160

atcaaaaaca ccccggtacc tgctaatcct ccagaggtgt ttactcctgc caagtttgcc 2220

tcatttatca cgcagtacag caccggccag gtcagcgtgg agatcgagtg ggaactgcag 2280

aaagaaaaca gcaaacgctg gaatccagag attcagtaca cctcaaatta tgccaagtct 2340

aataatgtgg aatttgctgt caacaacgaa ggggtttata ctgagcctcg ccccattggc 2400

acccgttacc tcacccgtaa cctgtaattg cctgttaatc aataaaccgg ttaattcgtt 2460

tcagttgaac tttggtcaag ggcgaattc 2489

<210> 779

<211> 728

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 779

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser
180 185 190

Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Phe Phe Gly Tyr Ser
260 265 270
Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser
275 280 285
Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro
290 295 300
Arg Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr
305 310 315 320

Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile
325 330 335
Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser
340 345 350
Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile
355 360 365
Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly
370 375 380

Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Thr Phe Glu Glu Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr
435 440 445

Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met
450 455 460
Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Arg Gln
465 470 475 480
Arg Leu Ser Lys Asp Ile Asp Ser Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp
485 490 495

Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn
500 505 510

Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe
515 520 525
Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys
530 535 540
Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr
545 550 555 560
Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu
565 570 575

Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly
580 585 590
Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
595 600 605
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser
610 615 620
Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu
625 630 635 640

Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro
645 650 655
Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser
660 665 670
Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn
675 680 685
Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val Glu
690 695 700

Phe Ala Val Asn Asn Glu Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly
705 710 715 720
Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 780

<211> 3098

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 780

gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcttccg 180

cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accggagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaagggag agccggtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagacccat agaatccccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320

cagcagcccg ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgccc 1380

gaccctcaac caatcggaga acccccgca ggcccctctg gtctgggatc tggtacaatg 1440

gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg agtgggtaat 1500

gcctccggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat caccaccagc 1560

acccgcacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcagat atcaagtcag 1620

agcggggcta ccaacgacaa ccacttcttc ggctacagca ccccctgggg ctattttgac 1680

ttcaacagat tccactgcca cttctcacca cgtgactggc agcgactcat caacaacaac 1740

tggggattcc ggcccagaaa gctgcggttc aagttgttca acatccaggt caaggaggtc 1800

acgacgaacg acggcgttac gaccatcgct aataacctta ccagcacgat tcaggtcttc 1860

tcggactcgg agtaccaact gccgtacgtc ctcggctctg cgcaccaggg ctgcctccct 1920

ccgttccctg cggacgtgtt catgattcct cagtacggat atctgactct aaacaacggc 1980

agtcagtctg tgggacgttc ctccttctac tgcctggagt actttccttc tcagatgctg 2040

agaacgggca ataactttga attcagctac acctttgagg aagtgccttt ccacagcagc 2100

tatgcgcaca gccagagcct ggaccggctg atgaatcccc tcatcgacca gtacctgtac 2160

tacctggccc ggacccagag cactacgggg tccacaaggg agctgcagtt ccatcaggct 2220

gggcccaaca ccatggccga gcaatcaaag aactggctgc ccggaccctg ttatcggcgg 2280

cagagactgt caaaagacat agacagcaac aacaacagta actttgcctg gaccggggcc 2340

actaaatacc atctgaatgg tagaaattca ttaaccaacc cgggcgtagc catggccacc 2400

aacaaggacg acgaggacca gttctttccc atcaacggag tgctggtttt tggcaaaacg 2460

ggggctgcca acaagacaac gctggaaaac gtgctaatga ccagcgagga ggagatcaaa 2520

accaccaatc ccgtggctac agaagaatac ggtgtggtct ccagcaacct gcaatcgtct 2580

acggccggac cccagacaca gactgtcaac agccaggggg ctctgcccgg catggtctgg 2640

cagaaccggg acgtgtacct gcagggtccc atctgggcca aaattcctca cacggacggc 2700

aactttcacc cgtctcccct gatgggcgga tttggactca aacacccgcc tcctcaaatt 2760

ctcatcaaaa acaccccggt acctgctaat cctccagagg tgtttactcc tgccaagttt 2820

gcctcattta tcacgcagta cagcaccggc caggtcagcg tggagatcga gtgggaactg 2880

cagaaagaga acagcaaacg ctggaatcca gagattcagt acacctcaaa ttatgccaag 2940

tctaataatg tggaatttgc tgtcaacaac gaaggggttt atactgagcc tcgccccatt 3000

ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa ttacttgtta atcaataaac cggttgattc 3060

gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg gcgaattc 3098

<210> 781

<211> 685

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 781

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Lys Gln Leu Glu Gln Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr
405 410 415
Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Thr Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ala Arg Thr Gln Ser Thr Thr Gly Ser Thr Arg Gly Leu Gln Phe His
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Asn Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Asn Ile Asp Ser Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly
530 535 540
Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr
545 550 555 560
Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr
565 570 575

Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Thr
580 585 590
Gln Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys
645 650 655
Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu
660 665 670
Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
675 680 685

<210> 782
<211> 2969
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 782
gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180

cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240

acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag cacgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatc 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaagggag agccggtcaa cgaggcagac gccgcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gacaagcagc tcgagcaggg ggacaacccg tacctcaagt acaaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380

tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcctgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040

tactttcctt ctcaaatgct gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100

gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcac agccaaagcc tggaccggct gacgaacccc 2160

ctcatcgacc agtacctgta ctacctggcc cggacccaga gcactacggg gtccacaagg 2220

gggctgcagt tccatcaggc tgggcccaac accatggccg agcaatcaaa gaactggctg 2280

cccggaccct gttatcggca gcagagactg tcaaaaaaca tagacagcaa caacaacagt 2340

aactttgcct ggaccggggc cactaaatac catctgaatg gtagaaattc attaaccaac 2400

ccgggcgtag ccatggccac caacaaggac gacgaggacc agttctttcc catcaacgga 2460

gtgctggttt ttggcaaaac gggggctgcc aacaagacaa cgctggaaaa cgtgctaatg 2520

accagcgagg aggagatcaa aaccaccaat cccgtggcta cagaagaata cggtgtggtc 2580

tccagcaacc tgcaatcgtc tacggccgga ccccagacac agactgtcaa cagccagggg 2640

gctctgcccg gcatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 2700

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccgtctcccc tgatgggcgg atttggactc 2760

aaacacccgc ctcctcaaat tctcatcaag tatacttcca actactacaa atctacaaat 2820

gtggactttg ctgtcaatac tgagggtact tattcagagc ctcgccccat tggcacccgt 2880

tacctcaccc gtaacctgta attgcctgtt aatcaataaa ccggttaatt cgtttcagtt 2940

gaactttggt ctctgcgaag ggcgaattc 2969

<210> 783

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 783

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Glu Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro Ala Gly Pro Ser

180 185 190
Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255
Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn Thr Tyr Phe Gly
260 265 270
Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His
275 280 285
Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe
290 295 300
Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu

305 310 315 320
Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser

325 330 335

Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu

340 345 350

Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe

355 360 365

Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala

370 375 380

Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met

385 390 395 400

Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Gln Phe Glu Asp Val

405 410 415

Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met

420 425 430

Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Gln Ser

435 440 445

Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe Ser Gln Ala Gly

450 455 460

Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys

465 470 475 480

Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Ser Gln Asn Asn Asn Ser

485 490 495

Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp

500 505 510

Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr His Lys Gly Asp Glu

515 520 525

Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met Phe Gly Lys Gln Gly

530 535 540

Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val Met Leu Thr Ser Glu

545 550 555 560

Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly Val

565 570 575

Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala Pro Ile Val Gly Ala
580 585 590
Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605
Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly
610 615 620
Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640
Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro
645 650 655
Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670
Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn
675 680 685
Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys

690 695 700
Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Thr Tyr Ser Glu
705 710 715 720
Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Ser Leu
725 730

<210> 784
<211> 3113
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 784
gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60
gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120

ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
cccagatcga tcccaccccc gtgatcgtca cttccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttaca agaccggatg ttcaaatttg 300
aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360
tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcacggg accagagact 660

gttcagaatg tttccccggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagacccat agaatccccc gactcctcca cgggcatcgg caagaaaggc 1320

cagcagcccg ctaaaaagaa gctcaacttt gggcagactg gcgactcaga gtcagtgccc 1380

gaccctcaac caatcggaga acccccccgca ggcccctctg gtctgggatc tggtacaatg 1440

gctgcaggcg gtggcgctcc aatggcagac aataacgaag gcgccgacgg agtgggtagt 1500

tcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat caccaccagc 1560

acccgaacct gggccctccc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat ctccaacggg 1620

acatcgggag gaagcaccaa cgacaacacc tacttcggct acagcacccc ctgggggtat 1680

tttgacttta acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac 1740

aacaactggg gattccggcc caagagactc aacttcaagc tcttcaacat ccaggtcaag 1800

gaggtcacgc agaatgaagg caccaagacc atcgccaata accttaccag cacgattcag 1860

gtctttacgg actcggaata ccagctcccg tacgtcctcg gctctgcgca ccagggctgc 1920

ctgcctccgt tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acgggtacct gactctgaac 1980

aacggcagtc aggccgtggg ccgttcctcc ttctactgcc tggagtactt tccttctcaa 2040

atgctgagaa cgggcaacaa ctttgagttc agctaccagt ttgaggacgt gcctttcac 2100

agcagctatg cgcacagcca aagcctggac cggctgatga acccccctcat cgaccagtac 2160

ctgtactacc tgtctcggac tcagtccacg ggaggtaccg caggaactca gcagttgcta 2220

ttttctcagg ccgggcctaa taacatgtcg gctcaggcca aaaactggct acccgggccc 2280
tgctaccggc agcaacgcgt ctccacgaca gtgtcgcaaa ataacaacag caactttgct 2340
tggaccggtg ccaccaagta tcatctgaat ggcagagact ctctggtaaa tcccggtgtc 2400
gctatggcaa cgcacaaggg cgacgaagag cgatttttc catccagcgg agtcttgatg 2460
tttgggaaac agggagctgg aaaagacaac gtggactata gcagcgttat gctaaccagt 2520
gaggaagaaa tcaaaaccac caacccagtg gccacagaac agtacggcgt ggtggccgat 2580
aacctgcaac agcaaaacgc cgctcctatt gtaggggccg tcaacagtca aggagcctta 2640

cctggcatgg tctggcagaa ccgggacgtg tacctgcagg gtcctatctg ggccaagatt 2700
cctcacacgg acggcaactt tcatccttcg ccgctgatgg gaggctttgg actgaaacac 2760
ccgcctcctc agatcctgat taagaataca cctgttcccg cggatcctcc aactaccttc 2820
agtcaagcca agctggcgtc gttcatcacg cagtacagca ccggacaggt cagcgtggaa 2880
attgaatggg agctgcagaa agagaacagc aagcgctgga acccagagat tcagtatact 2940
tccaactact acaaatctac aaatgtggac tttgctgtca atactgaggg tacttattca 3000
gagcctcgcc ccattggcac ccgttacctc acccgtagcc tgtaattgcc tgttaatcaa 3060

taaaccggtt gattcgtttc agttgaactt tggtctctgc gaagggcgaa ttc 3113

<210> 785
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 785

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Pro Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Arg Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Gln Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Asn Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Ala Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 786
<211> 3128
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 786
gaattcgccc tttctacggc tgcgtcaact ggaccaatga gaactttccc ttcaacgatt 60

gcgtcgacaa gatggtgatc tggtgggagg agggcaagat gacggccaag gtcgtggagt 120
ccgccaaggc cattctcggc ggcagcaagg tgcgcgtgga ccaaaagtgc aagtcgtccg 180
cccagatcga ccccaccccc gtgatcgtca cctccaacac caacatgtgc gccgtgattg 240
acgggaacag caccaccttc gagcaccagc agccgttgca ggaccggatg ttcaaatttg 300

aactcacccg ccgtctggag catgactttg gcaaggtgac aaagcaggaa gtcaaagagt 360

tcttccgctg ggcgcaggat cacgtgaccg aggtggcgca tgagttctac gtcagaaagg 420

gtggagccaa caagagaccc gcccccgatg acgcggataa aagcgagccc aagcgggcct 480

gcccctcagt cgcggatcca tcgacgtcag acgcggaagg agctccggtg gactttgccg 540

acaggtacca aaacaaatgt tctcgtcacg cgggcatgct tcagatgctg tttccctgca 600

agacatgcga gagaatgaat cagaatttca acatttgctt cacgcgcggg accagagact 660

gttcagaatg tttcccgggc gtgtcagaat ctcaaccggt cgtcagaaag aggacgtatc 720

ggaaactctg tgccattcat catctgctgg ggcgggctcc cgagattgct tgctcggcct 780

gcgatctggt caacgtggac ctggatgact gtgtttctga gcaataaatg acttaaacca 840

ggtatggctg ccgatggtta tcttccagat tggctcgagg acaacctctc tgagggcatt 900

cgcgagtggt gggacttgaa acctggagcc ccgaaaccca aagccaacca gcaaaagcag 960

gacgacggcc ggggtctggt gcttcctggc tacaagtacc tcggaccctt caacggactc 1020

gacaaggggg agcccgtcaa cgcggcggac gcagcggccc tcgagcacga caaggcctac 1080

gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc cgacgccgag 1140

tttcaggagc gtctgcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg agcagtcttc 1200

caggccaaga agcgggttct cgaacctctc ggtctggttg aggaaggcgc taagacggct 1260

cctggaaaga agagaccggt agagccatca ccccagcgtt ctccagactc ctctacgggc 1320

atcggcaaga caggccagca gcccgcgaaa aagagactca actttgggca gactggcgac 1380

tcagagtcag tgcccgaccc tcaaccaatc ggagaacccc ccgcaggccc ctctggtctg 1440

ggatctggta caatggctgc aggcggtggc gctccaatgg cagacaataa cgaaggcgcc 1500

gacggagtgg gtagttcctc aggaaattgg cattgcgatt ccacatggct gggcgacaga 1560

gtcatcacca ccagcacccg aacctgggcc ctccccacct acaacaacca cctctacaag 1620

caaatctcca acgggacatc gggaggaagc accaacgaca acacctactt cggctacagc 1680

acccccctggg ggtattttga ctttaacaga ttccactgcc acttctcacc acgtgactgg 1740

cagcgactca tcaacaacaa ctggggattc cggcccaaga gactcaactt caagctcttc 1800

aacatccagg tcaaggaggt cacgcagaat gaaggcacca agaccatcgc caataacctt 1860

accagcacga ttcaggtctt tacggactcg gaataccagc tcccgtacgt cctcggctct 1920

gcgcaccagg gctgcccgcc tccgttcccg gcggacgtct tcatgattcc tcagtacggg 1980

tacctgactc tgaacaacgg cagtcaggcc gtgggccgtt cctccttcta ctgcctggag 2040

tactttcctt ctcaaatgcg gagaacgggc aacaactttg agttcagcta ccagtttgag 2100

gacgtgcctt ttcacagcag ctacgcgcat agccaaagcc tggaccggct gatgaacccc 2160

ctcatcgacc agtacctgta ctacctgtct cggactcagt ccacgggagg taccgcagga 2220
actcagcagt tgctattttc tcaggccggg cctaataaca tgtcggctca ggccaaaaac 2280
tggctacccg ggccctgcta ccggcagcaa cgcgtctcca cgacactgtc gcaaaataac 2340
aacagcaact ttgcttggac cggtgccacc aagtatcatc tgaatggcag agactctctg 2400
gtaaatcccg gtgtcgctat ggcaacgcac aaggacgacg aagagcgatt ttttccatcc 2460
agcggagtct tgatgtttgg gaaacaggga gctggaaaag acaacgtgga ctatagcagc 2520
gttatgctaa ccagtgagga agaaatcaaa accaccaacc cagtggccac agaacagtac 2580

ggcgtggtgg ccgataacct gcaacagcaa aacgccgctc ctattgtagg ggccgtcaac 2640
agtcaaggag ccttacctgg catggtctgg cagaaccggg acgtgtacct gcagggtcct 2700
atctgggcca agattcctca cacggacggc aactttcatc cttcgccgct gatgggaggc 2760
tttggactga aacacccgcc tcctcagatc ctgattaaga atacacctgt tcccgcggat 2820
cctccaacta ccttcagtca agccaagctg gcgtcgttca tcacgcagta cagcaccgga 2880
caggtcagcg tggaaattga atgggagctg cagaaagaga acagcaagcg ctggaaccca 2940
gagattcagt atacttccaa ctactacaaa tctacaaatg tggactttgc tgtcaatact 3000

gagggtactt attcagagcc tcgccccatt ggcacccgtt acctcacccg taacctgtaa 3060
ttgcctgtta atcaataaac cggttaattc gtttcagttg aactttggtc tctgcgaagg 3120
gcgaattc 3128

<210> 787
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 787

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly His Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Pro Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Gly Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 788

<211> 1933

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<220><221> modified_base

<222> (1302)..(1302)

<223> a, c, t or g

<400> 788

caaggcctac gaccagcagc tcaaagcggg tgacaatccg tacctgcggt ataaccacgc 60

cgacgccgag tttcaggagc gtcttcaaga agatacgtct tttgggggca acctcgggcg 120

agcagtcttc caggccaaaa agcgggttct cgaacctctt ggtctggttg agacgccagc 180

taagacggca cctggaaaga agcgaccggt agactcgcca gactccacct cgggcatcgg 240

caagaaaggc cagcagcccg cgaaaaagag actcaacttt gggcagactg gcgactcaga 300

gtcagtcccc gaccctcaac caatcggaga accaccagca ggcccctctg gtctgggatc 360

tggtacaatg gctgcaggcg gtggcgcacc aatggctgac aataacgagg gcgccgacgg 420

agtgggtaat gcctcaggaa attggcattg cgattccaca tggctgggcg acagagtcat 480

caccaccagc acccgaacct gggccctgcc cacctacaac aaccacctct acaagcaaat 540

ctccagtcag tcagcaggga gcaccaacga taacgtctat ttcggctaca gcacccctg 600

ggggtatttt gacttcaaca gattccattg ccacttctca ccacgtgact ggcagcgact 660

tatcaacaac aactggggat tccggcccaa gaagctcaac ttcaagctct tcaacatcca 720

ggtcaaggag gtcacgacga atgacggtgt cacaaccatc gctaataacc ttaccagcac 780

ggttcaggtc ttttcggact cggaatatca actgccgtac gtcctcggct ccgcgcacca 840

gggctgcctg cctccgttcc cggcagacgt gttcatgatt ccgcagtacg gatacctgac 900

tctgaacaat ggcagccaat cggtaggccg ttcctccttc tactgcctgg agtactttcc 960

ttctcagatg ctgagaacgg gcaacaactt caccttagc tacaccttcg aggacgtgcc 1020

tttccacagc agctacgcgc acagccagag tctggaccgg ctgatgaatc ccctcatcga 1080

ccagtacctg tactacttgg ccagaacaca gagcaacgca ggaggtactg ctggcaatcg 1140

ggaactgcag ttttatcagg gcggacctac caccatggcc gaacaagcaa agaactggct 1200

gcccggacct tgcttccggc aacagagagt atccaagacg ctggatcaaa ataacaacag 1260

caactttgcc tggactggtg ccacaaaata ccatttaaat gnaagaaatt cattggttaa 1320

tcccggtgtc gccatggcaa cccacaagga cgacgaggaa cgcttcttcc cttcgagcgg 1380

agttctaatt tttggcaaaa ctggagcagc taataaaact acattagaaa acgtgctcat 1440

gacaaatgaa gaagaaattc gtcctaccaa cccggtagct accgaggaat acgggattgt 1500

aagcagcaac ttgcaggcgg ctagcaccgc agcccagaca caagttgtta acaaccaggg 1560

agccttacct ggcatggtct ggcagaaccg ggacgtgtac ctgcaaggtc ccatttgggc 1620

caagattcct cacacggacg gcaactttca cccgtctcct ctaatgggtg gctttggact 1680

gaaacacccg cctccccaga tcctgatcaa aaacacaccg gtacctgcta atcctccaga 1740

agtgtttact cctgccaagt ttgcttcctt catcacgcag tacagcaccg ggcaagtcag 1800

cgttgagatc gagtgggagc tgcagaaaga gaacagcaag cgctggaacc cagagattca 1860

gtacacctcc aactttgaca aacagactgg agtggacttt gctgttgaca gccagggtgt 1920

ttactctgag cct 1933

<210> 789

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 789

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser

180 185 190

Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala
195 200 205
Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr

245 250 255
Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Ser Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala

370 375 380
Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Gly Lys Val Pro Phe His Ser Met
405 410 415
Tyr Ala Tyr Ser Gln Ser Pro Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe

450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln

465 470 475 480

Arg Leu Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495

Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg

500 505 510

Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser

515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val

530 535 540

Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu

545 550 555 560

Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln

565 570 575

Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn

580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp

595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly

610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala

645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg

675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn

690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu

705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 790

<211> 3105

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 790

gaattcgccc ttgctgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg 60

acaagatggt gatctggtgg gaggagggca agatgaccgc caaggtcgtg gagtccgcca 120

aggccattct gggcggaagc aaggtgcgcg tggaccaaaa gtgcaagtca tcggcccaga 180

tcgaccccac gcccgtgatc gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg atcgacggga 240

acagcaccac cttcgagcac cagcagccgc tgcaggaccg catgttcaag ttcgagctca 300

cccgccgtct ggagcacgac tttggcaagg tgaccaagca ggaagtcaaa gagttcttcc 360

gctgggctca ggatcacgtg actgaggtgg cgcatgagtt ctacgtcaga aagggcggag 420

ccaccaaaag acccgccccc agtgacgcgg atataagcga gcccaagcgg gcctgcccct 480

cagttgcgga gccatcgacg tcagacgcgg aagcaccggt ggactttgcg gacaggtacc 540

aaaacaaatg ttctcgtcac gcgggcatgc ttcagatgct gtttccctgc aagacatgcg 600

agagaatgaa tcagaatttc aacgtctgct tcacgcacgg ggtcagagac tgctcagagt 660

gcttccccgg cgcgtcagaa tctcaacccg tcgtcagaaa aaagacgtat cagaaactgt 720

gcgcgattca tcatctgctg gggcgggcac ccgagattgc gtgttcggcc cgcgatctcg 780

tcaacgtgga cttggatgac tgtgtttctg agcaataaat gacttaaacc aggtatggct 840

gctgacggtt atcttccaga ttggctcgag gacaacctct ctgagggcat tcgcgagtgg 900

tgggacctga aacctggagc ccccaagccc aaggccaacc agcagaagca ggacgacggc 960

cggggtctgg tgcttcctgg ctacaagtac ctcggaccct tcaacggact cgacaagggg 1020

gagcccgtca acgcggcgga cgcagcggcc ctcgagcacg acaaggccta cgaccagcag 1080

ctcaaagcgg gtgacaatcc gtacctgcgg tataaccacg ccgacgccga gtttcaggag 1140

cgtctgcaag aagatacgtc ttttgggggc aacctcgggc gagcagtctt ccaggccaag 1200

aagagggtac tcgaacctct gggcctggtt gaagaaggtg ctaagacggc tcctggaaag 1260

aagagaccgt tagagtcacc acaagagccc gactcctcct caggaatcgg caaaaaaggc 1320

aaacaaccag ccaaaaagag actcaacttt gaagaggaca ctggagccgg agacggaccc 1380

cctgaaggat cagataccag cgccatgtct tcagacattg aaatgcgtgc agcaccgggc 1440

ggaaatgctg tcgatgcggg acaaggttcc gatggagtgg gtaatgcctc gggtgattgg 1500

cattgcgatt ccacctggtc tgagggcaag gtcacaacaa cctcgaccag aacctgggtc 1560

ttgcccacct acaacaacca cttgtacctg cggctcggaa caacatcaaa cagcaacacc 1620

tacaacggat tctccacccc ctggggatac tttgacttta acagattcca ctgtcacttc 1680

tcaccacgtg actggcaaag actcatcaac aacaactggg gactacgacc aaaagccatg 1740

cgcgttaaaa tcttcaatat ccaagttaag gaggtcacaa cgtcgaacgg cgagactacg 1800

gtcgctaata accttaccag cacggttcag atatttgcgg actcgtcgta tgagctcccg 1860

tacgtgatgg acgctggaca agagggaagt ctgtctcctt tccccaatga cgtcttcatg 1920

gtgcctcaat atggctactg tggcattgtg actggcgaaa atcagaacca gacggacaga 1980

aatgctttct actgcctgga gtattttcct tcacaaatgc tgagaactgg caataacttt 2040

gaaatggctt acaactttgg gaaggtgccg ttccactcaa tgtatgctta cagccagagc 2100

ccggacagac tgatgaatcc cctcctggac cagtacctgt ggcacttaca gtcgaccacc 2160

tctggagaga ctctgaatca aggcaatgca gcaaccacat ttggaaaaat caggagtgga 2220

gactttgcct tttacagaaa gaactggctg cctgggcctt gtgttaaaca gcagagactc 2280

tcaaaaactg ccagtcaaaa ttacaagatt cctgccagcg ggggcaacgc tctgttaaag 2340

tatgacaccc actatacctt aaacaaccgc tggagcaaca tagcgcctgg acctccaatg 2400

gcaacagctg gaccttcaga tggggacttc agcaacgccc agctcatctt ccctggacca 2460

tcagtcaccg gaaacacaac aacctcagca aacaatctgt tgtttacatc agaagaagaa 2520

attgctgcca ccaacccaag agacacggac atgtttggtc agattgctga caataatcag 2580

aatgctacaa ctgctcccat aaccggcaac gtgactgcta tgggagtgct tcctggcatg 2640

gtgtggcaaa acagagacat ttactaccaa gggccaattt gggccaagat cccacacgcg 2700

gacggacatt ttcatccttc accgctaatt ggcggttttg gactgaaaca tccgcctccc 2760

cagatattta tcaaaaacac ccccgtacct gccaatcctg cgacaacctt cactgcagcc 2820

agagtggact ctttcatcac acaatacagc accggccagg tcgctgttca gattgaatgg 2880

gaaatcgaaa aggaacgctc caaacgctgg aatcctgaag tgcagtttac ttcaaactat 2940

gggaaccagt cttctatgtt gtgggctccc gatacaactg ggaagtatac agagccgcgg 3000

gttattggct ctcgttattt gactaatcat ttgtaactgc ctagttaatc aataaaccgt 3060

gtgattcgtt tcagttgaac tttggtctct gcgaagggcg aattc 3105

<210> 791

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 791

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser
180 185 190

Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala
195 200 205
Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr
245 250 255
Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala
370 375 380
Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Met Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met
405 410 415
Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe

450 455 460

Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln

465 470 475 480

Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495

Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg

500 505 510

Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser

515 520 525

Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val

530 535 540

Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu

545 550 555 560

Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln

565 570 575

Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn

580 585 590

Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp

595 600 605

Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly

610 615 620

His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro

625 630 635 640

Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala

645 650 655

Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser

660 665 670

Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg

675 680 685

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Asn
690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu
705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
725 730

<210> 792

<211> 3105

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 792

gaattcgccc ttgctgcgtc aactggacca atgagaactt tcccttcaac gattgcgtcg 60

acaagatggt gatctggtgg gaggagggca agatgaccgc caaggtcgtg gagtccgcca 120

aggccattct gggcggaagc aaggtgcgcg tggaccaaaa gtgcaagtca tcggcccaga 180

tcgaccccac gcccgtgatc gtcacctcca acaccaacat gtgcgccgtg atcgacggga 240

acagcaccac cttcgagcac cagcagccgc tgcaggaccg catgttcaag ttcgagctca 300

cccgccgtct ggagcacgac tttggcaagg tgaccaagca ggaagtcaaa gagttcttcc 360

gctgggctca ggatcacgtg actgaggtgg cgcatgagtt ctacgtcaga aagggcggag 420

ccaccaaaag acccgccccc agtgacgcgg atataagcga gcccaagcgg gcctgccgct 480

cagttgcgga gccatcgacg tcagacgcgg aagcaccggt ggactttgcg gacaggtacc 540

aaaacaaatg ttctcgtcac gcgggcatgc ttcagatgct gtttccctgc aagacatgcg 600

agagaatgaa tcagaatttc aacgtctgct tcacgcacgg ggtcagagac tgctcagagt 660

gcttccccgg cgcgtcagaa tctcaacccg tcgtcagaaa aaagacgtat cagaaactgt 720

gcgcgattca tcatctgctg gggcgggcac ccgagattgc gtgttcggcc tgcgatctcg 780

tcaacgtgga cttggatgac tgtgtttctg agcaataaat gacttaaacc aggtatggct 840

gctgacggtt atcttccaga ttggctcgag gacaacctct ctgagggcat tcgcgagtgg 900

tgggacctga aacctggagc ccccaagctc aaggccaacc agcagaagca ggacgacggc 960

cggggtctgg tgcttcctgg ctacaagtac ctcggaccct tccacggact cgacaagggg 1020

gagcccgtca acgcggcgga cgcagcggcc ctcgagcacg acaaggccta cgaccagcag 1080

ctcaaagcgg gtgacaatcc gtacctgcgg tataaccacg ccgacgccga gtttcaggag 1140

cgtctgcaag aagatacgtc ttttgggggc aacctcgggc gagcagtctt ccaggccaag 1200

aagagggtac tcgaaccact gggcctggtt gaagaaggtg ctaagacggc tcctggaaag 1260

aagagaccgt tagagtcacc acaagagccc gactcctcct caggaatcgg caaaaaaggc 1320

aaacaaccag ccaaaaagag actcaacttt gaagaggaca ctggagccgg agacggaccc 1380
cctgaaggat cagataccag cgccatgtct tcagacattg aaatgcgtgc agcaccgggc 1440
ggaaatgctg tcgatgcggg acaaggttcc gatggagtgg gtaatgcctc gggtgattgg 1500
cattgcgatt ccacctggtc tgagggcaag gtcacaacaa cctcgaccag aacctgggtc 1560
ttgcccacct acaacaacca cttgtacctg cggctcggaa caacatcaaa cagcaacacc 1620
tacaacggat tctccacccc ctggggatac tttgacttta acagattcca ctgtcacttc 1680
tcaccacgtg actggcaaag actcatcaac aacaactggg gactacgacc aaaagccatg 1740

cgcgttaaaa tcttcaatat ccaagttaag gaggtcacaa cgtcgaacgg cgagactacg 1800
gtcgctaata accttaccag cacggttcag atatttgcgg actcgtcgta tgagctcccg 1860
tacgtgatgg acgctggaca agagggaagt ctgcctcctt tccccaatga cgtcttcatg 1920
gtgcctcaat atggctactg tggcattgtg actggcgaaa atcagaacca gacggacaga 1980
aatgctttct actgcctgga gtattttcct tcacaaatgc tgagaactgg caataacttt 2040
gaaatggctt acaactttga gaaggtgccg ttccactcaa tgtatgctca cagccagagc 2100
ctggacagac tgatgaatcc cctcctggac cagtacctgt ggcacttaca gtcgaccacc 2160

tctggagaga ctctgaatca aggcaatgca gcaaccacat ttggaaaaat caggagtgga 2220
gactttgcct tttacagaaa gaactggctg cctgggcctt gtgttaaaca gcagagattc 2280
tcaaaaactg ccagtcaaaa ttacaagatt cctgccagcg ggggcaacgc tctgttaaag 2340
tatgacaccc actatacctt aaacaaccgc tggagcaaca tagcgcctgg acctccaatg 2400
gcaacagctg gaccttcaga tggggacttc agcaacgccc agctcatctt ccctggacca 2460
tcagtcaccg gaaacacaac aacctcagca aacaatctgt tgtttacatc agaaggagaa 2520
attgctgcca ccaacccaag agacacggac atgtttggtc agattgctga caataatcag 2580

aatgctacaa ctgctcccat aaccggcaac gtgactgcta tgggagtgct tcctggcatg 2640
gtgtggcaaa acagagacat ttactaccaa gggccaattt gggccaagat cccacacgcg 2700
gacggacatt ttcatccttc accgctaatt ggcggttttg gactgaaaca tccgcctccc 2760
cagatattta tcaaaaacac ccccgtacct gccaatcctg cgacaacctt cactgcagcc 2820
agagtggact ctttcatcac acaatacagc accggccagg tcgctgttca gattgaatgg 2880
gaaatcgaaa aggaacgctc caaacgccgg aatcctgaag tgcagtttac ttcaaactat 2940
gggaaccagt cttctatgtt gtgggctccc gatacaactg ggaagtatac agagccgcgg 3000

gttattggct ctcgttattt gactaatcat ttgtaactgc ctagttaatc aataaaccgt 3060

gtgattcgtt tcagttgaac tttggtctct gcgaagggcg aattc 3105

<210> 793

<211> 733

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 793

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Glu Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Leu Glu Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Glu Glu Asp Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ser Ala Met Ser
180 185 190

Ser Asp Ile Glu Met Arg Ala Ala Pro Gly Gly Asn Ala Val Asp Ala

195 200 205

Gly Gln Gly Ser Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys

210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly Lys Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr

225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Thr

245 250 255

Thr Ser Asn Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ala Met Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu

305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp

325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser

340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Cys Gly Ile Val Thr Gly Glu Asn Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala

370 375 380

Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Thr Ala Tyr Asn Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser Met

405 410 415

Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Gly Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Trp His Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Glu Thr Leu Asn

435 440 445

Gln Gly Asn Ala Ala Thr Thr Phe Gly Lys Ile Arg Ser Gly Asp Phe
450 455 460
Ala Phe Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Val Lys Gln Gln
465 470 475 480
Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Ser Gly

485 490 495
Gly Asn Ala Leu Leu Lys Tyr Asp Thr His Tyr Thr Leu Asn Asn Arg
500 505 510
Trp Ser Asn Ile Ala Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro Ser
515 520 525
Asp Gly Asp Phe Ser Asn Ala Gln Leu Ile Phe Pro Gly Pro Ser Val
530 535 540
Thr Gly Asn Thr Thr Thr Ser Ala Asn Asn Leu Leu Phe Thr Ser Glu

545 550 555 560
Glu Glu Ile Ala Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Met Phe Gly Gln
565 570 575
Ile Ala Asp Asn Asn Gln Asn Ala Thr Thr Ala Pro Ile Thr Gly Asn
580 585 590
Val Thr Ala Met Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp
595 600 605
Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Ala Asp Gly

610 615 620
His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro
625 630 635 640
Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Tyr Pro Ala
645 650 655
Thr Thr Phe Thr Ala Ala Arg Val Asp Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser
660 665 670
Thr Gly Gln Val Ala Val Gln Ile Glu Trp Glu Ile Glu Lys Glu Arg

675 680 685
Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Cys Gly Asn

690 695 700

Gln Ser Ser Met Leu Trp Ala Pro Asp Thr Thr Gly Lys Tyr Thr Glu

705 710 715 720

Pro Arg Val Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730

<210> 794

<211> 3105

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400

> 794

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcacacggt ttattgatta 60

actaggcagt tacaaatgat tagtcaaata acgagagcca ataacccgcg gctctgtata 120

cttcccagtt gtatcgggag cccacaacat agaagactgg ttcccacagt ttgaagtaaa 180

ctgcacttca ggattccagc gtttggagcg ttccttttcg atttcccatt caatctgaac 240

agcgacctgg ccggtgctgt attgtgtgat gaaagagtcc actctggctg cagtgaaggt 300

tgtcgcagga taggcaggta cgggggtgtt tttgataaat atctggggag gcggatgttt 360

cagtccaaaa ccgccaatta gcggtgaagg atgaaaatgt ccgtccgcgt gtgggatctt 420

ggcccaaatt ggcccttggt agtaaatgtc tctgttttgc cacaccatgc caggaagcac 480

tcccatagca gtcacgttgc cggttatggg agcagttgta gcattctgat tattgtcagc 540

aatctgacca aacatgtccg tgtctcttgg gttggtggca gcaatttctt cttctgatgt 600

aaacaacaga ttgtttgctg aggttgttgt gtttccggtg actgatggtc cagggaagat 660

gagctgggcg ttgctgaagt ccccatctga aggtccagct gttgccattg gaggtccagg 720

cgctatgttg ctccagcggt tgtttaaggt atagtgggtg tcatacttta acagagcgtt 780

gcccccgctg gcaggaatct tgtaattttg actggcagtt tttgagaatc tctgctgttt 840

aacacaaggc ccaggcagcc agttctttct gtaaaaggca aagtctccac tcctgatttt 900

tccaaatgtg gttgctgcat tgccttgatt cagagtctct ccagaggtgg tcgactgtaa 960

gtgccacagg tactggtcca ggaggggatt catcagtccg tccaggctct ggctgtgagc 1020

atacattgag tggaacggca ccttctcaaa gttgtaagcc gtttcaaagt tattgccagt 1080

tctcagcatt tgtgaaggaa aatactccag gcagtagaaa gcatttctgt ccgtctggtt 1140

ctgattttcg ccagtcacaa tgccacagta gccatattga ggcaccatga agacgtcatt 1200

ggggaaagga ggcagacttc cctcttgtcc agcgtccatc acgtacggga gctcatacga 1260

cgagtccgca aatatctgaa ccgtgctggt aaggttatta gcgaccgtag tctcgccgtt 1320

cgacgttgtg acctccttaa cttggatatt gaagatttta acgcgcatgg cttttggtcg 1380

tagtccccag ttgttgttga tgagtctttg ccagtcacgt ggtgagaagt gacagtggaa 1440

tctgttaaag tcaaagtatc cccaggggggt ggagaatccg ttgtaggtgt tgctgtttga 1500

tgttgttccg agccgcaggt acaagtggtt gttgtaggtg ggcaagaccc aggttctggt 1560

cgaggttgtt gtgaccttgc cctcagacca ggtggaatcg caatgccaat cacccgaggc 1620

attacccact ccatcggaac cttgtcccgc atcgacagca tttccgcccg gtgctgcacg 1680

catttcaatg tctgaagaca tggcgctggt atctgatcct tcaggggggtc cgtctccggc 1740

tccagtgtcc tcttcaaagt tgagtctctt tttggctggt tgtttgcctt ttttgccgat 1800

tcctgaggag gagtcgggct cttgtggtga ctctaacggt ctcttctttc caggagccgt 1860

cttagcacct tcttcaacca ggcccagagg ttcgagtacc ctcttcttgg cctggaagac 1920

tgctcgcccg aggttgcccc caaaagacgt atcttcttgc agacgctcct gaaactcggc 1980

gtcggcgtgg ttataccgca ggtacggatt gtcacccgct ttgagctgct ggtcgtaggc 2040

cttgtcgtgc tcgagggccg ctgcgtccgc cgcgttgacg ggctcccccct tgtcgagtcc 2100

gttgaagggt ccgaggtact cgtagccagg aagcaccaga ccccggccgt cgtcctgctt 2160

ctgctggttg gccttgggct tgggggctcc aggtttcagg tcccaccact cgcgaatgcc 2220

ctcagagagg ttgtcctcga gccaatctgg aagataaccg tcagcagcca tacctggttt 2280

aagtcattta ttgctcagaa acacagtcat ccaagtccac gttgacgaga tcgcaggccg 2340

aacacgcaat ctcgggtgcc cgccccagca gatgatgaat cgcgcacagt ttctgatacg 2400

tctttttttct gacgacgggt tgagattctg acgcgccggg gaagcactct gagcagtctc 2460

tgaccccgtg cgtgaagcag acgttgaaat tctgattcat tctctcgcat gtcttgcagg 2520

gaaacagcat ctgaagcatg cccgcgtgac gagaacattt gttttggtac ctgtccgcaa 2580

ggtccaccgg tgcttccgcg tctgacgtcg atggctccgc aactgagggg caggcccgct 2640

tgggctcgct tatatccgcg tcactggggg cgggtctttt ggtggctccg ccctttctga 2700

cgtagaactc atgcgccacc tcagtcacgt gatcctgagc ccagcggaag aactctttga 2760

cttcctgctt ggtcaccttg ccaaagtcgt gctccagacg gcgggtgagc tcgaacttga 2820

acatgcggtc ctgcagcggc tgctggtgct cgaaggtggt gctgttcccg tcgatcacgg 2880

cgcacatgtt ggtgttggag gtgacgatca cgggcgtggg gtcgatctgg gccgatgact 2940

tgcacttttg gtccacgcgc accttgcttc cgcccagaat ggccttggcg gactccacga 3000

ccttggcggt catcttgccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgacg caatcgttga 3060

agggaaagtt ctcattggtc cagttgacgc agcaagggcg aattc 3105

<210> 795

<211> 729

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 795

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg
290 295 300
Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320
Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335
Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365
Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430
Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
435 440 445
Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
450 455 460

Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
465 470 475 480

Gln Gly Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala
485 490 495

Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
515 520 525

Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560

Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575

Leu Gln Pro Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590

Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Pro Arg Asn Leu

725

<210> 796

<211> 3094

<212> DNA

<

213> Adeno-associated virus

<400> 796

gaattcgccc ttgctgcgtc aactggacca agagaacttt cccttcaacg attgcgtcga 60

caagatggtg atctggtggg aggagggcaa gatgacggcc aaggtcgtgg agtccgccaa 120

agccattctg ggcggaagca aggtgcgcgt cgaccaaaag tgcaagtcct cggcccagat 180

cgatcccacc cccgtgatcg tcacctccaa caccaacatg tgcgccgtga tcgacgggaa 240

cagcaccacc ttcgagcacc agcagccgtt gcaggaccgg atgttcaaat ttgaactcac 300

ccgccgtctg gaacacgact ttggcaaggt gaccaagcag gaagtcaaag agttcttccg 360

ctgggctagt gatcacgtga ctgaggtgac gcatgagttc tacgtcagaa agggcggagc 420

cagcaaaaga cccgcccccg atgacgcgga tataagcgag cccaagcggg cctgtccctc 480

agtcacggac ccatcgacgt cagacgcgga aggagctccg gtggactttg ccgacaggta 540

ccaaaacaaa tgttctcgtc acgcgggcat gcttcagatg ctgtttccct gcaaaacgtg 600

cgagagaatg aatcagaatt tcaacatttg cttcacgcac ggggtcagag actgtttaga 660

atgtttcccc ggcgtgtcag aatctcaacc ggtcgtcaga aaaaagacgt atcggaagct 720

gtgtgcgatt catcatctgc tggggcgggc acccgagatt gcttgctcgg cctgcgacct 780

ggtcaacgtg gacctggacg actgtgtttc tgagcaataa atgacttaaa ccgggtatgg 840

ctgccgatgg ttatcttcca gattggctcg aggacaacct ctctgagggc attcgcgagt 900

ggtgggacct gaaacctgga gccccgaaac ccaaagccaa ccagcaaaag caggacgacg 960

gccggggtct ggtgcttcct ggctacaagt acctcggacc cttcaacgga ctcgacaagg 1020

gggagcccgt caacgcggcg gacgcagcgg ccctcgagca cgacaaggcc tacgaccagc 1080

agctcaaagc gggtgacaat ccgtacctgc ggtataacca cgccgacgcc gagtttcagg 1140

agcgtctgca agaagatacg tcatttgggg gcaacctcgg gcgagcagtc ttccaggcca 1200

agaagcgggt tctcgaacct ctcggtctgg ttgaggaagg cgctaagacg gctcctggaa 1260

agaagagacc catagactct ccagactcct ccacgggcat cggcaaaaaa ggccagcagc 1320

ccgctaaaaa gaagctcaat tttggtcaga ctggcgactc agagtcagtc cccgaccctc 1380

aacctcttgg agaacctcca gcagcgccct ctagtgtggg atctggtaca atggctgcag 1440

gcggtggcgc accaatggca gacaataacg aaggtgccga cggagtgggt aatgcctcag 1500

gaaattggca ttgcgattcc acatggctgg gcgacagagt catcaccacc agcaccagaa 1560

cctgggccct ccccacctac aacaaccacc tctacaagca aatctccagc agcagctcag 1620

gagccaccaa tgacaaccac tacttcggct acagcacccc ctgggggtat tttgacttta 1680

acagattcca ctgccacttc tcaccacgtg actggcagcg actcatcaac aacaactggg 1740

gattccggcc caagaagctg cggttcaagc tcttcaacat ccaggtcaag gaggtcacaa 1800

cgaatgacgg cgtcacgacc atcgctaata accttaccag cacggttcag gtcttctcgg 1860

actcggaata ccagctgccg tacgtcctcg gctctgcgca ccagggctgc ctgcctccgt 1920

tcccggcgga cgtcttcatg attcctcagt acggctacct gactctgaac aacggcagcc 1980

aatcggtggg ccgttcctcc ttctactgcc tggaatattt cccctctcaa atgctgagaa 2040

cgggcaacaa ctttgagttc agttacagct tcgaggacgt gcctttccac agcagctacg 2100

cgcacagcca gagcctagac cggctgatga accctctcat cgaccagtac ctgtactacc 2160

tggcccggac ccagagcacc acgggttcca ccagggaact gcaatttcat caagctgggc 2220

ccaatactat ggccgagcag tcaaagaact ggctgcctgg accctgctat aggcaacagg 2280

gactgtcaaa gaacttggac tttaacaaca acagcaattt tgcctggact gctgccacta 2340

aatatcatct gaatggcaga aactctttga ccaatcctgg cattcccatg gcaaccaaca 2400

aggatgatga ggaccagttc tttcccatca acggggtact ggtttttggc aagacgggag 2460

ctgccaacaa aactacgctg gaaaacgttc tgatgaccag cgaggaggag atcaagacca 2520

ctaaccctgt ggctacagaa gaatacggtg tggtctccag caacctgcag ccgtctacag 2580

ccgggcctca atcacagact atcaacagcc agggagcact gcctggcatg gtctggcaga 2640

accgggacgt gtatctgcag ggtcccatct gggccaaaat tcctcacacg gatggcaact 2700

ttcacccgtc tcctctgatg ggcggttttg gactcaaaca cccgcctcca cagatcctga 2760

tcaaaaacac acctgtacct gctaatcctc cggaggtgtt tactcctgcc aagtttgcct 2820

ccttcatcac gcagtacagc accggacaag tcagcgtgga aatcgagtgg gagctgcaga 2880

aagaaaacag caagcgctgg aacccagaaa ttcagtatac ttccaattat gccaagtcta 2940

ataatgttga atttgctgtg aaccctgatg gtgtttatac tgagcctcgc cccattggca 3000

ctcgttacct cccccgtaat ctgtaattgc ttgttaatca ataaaccggt tgattcgttt 3060

cagttgaact ttggtctctg cgaagggcga attc 3094

<210> 797

<211> 1458

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 797

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175

Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Thr Ala
195 200 205

Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg
290 295 300
Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320
Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335
Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365
Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430
Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
435 440 445
Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
450 455 460
Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln

465 470 475 480

Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala
485 490 495
Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
500 505 510
Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
515 520 525
Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560
Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575
Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590
Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620
Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Glu His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640
Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655
Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685
Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700
Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile
705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu
725 730 735

Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp
740 745 750

Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln
755 760 765

Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro
770 775 780

Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala
785 790 795 800

Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp
805 810 815

Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg
820 825 830

Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe
835 840 845

Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly
850 855 860

Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro Ile Gly Ser Pro Asp Ser
865 870 875 880

Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu
885 890 895

Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro
900 905 910

Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met
915 920 925

Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp
930 935 940

Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu
945 950 955 960

Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr

965 970 975

Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala

980 985 990

Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe

995 1000 1005

Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln

1010 1015 1020

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Arg

1025 1030 1035

Phe Lys Leu Leu Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp

1040 1045 1050

Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val

1055 1060 1065

Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala

1070 1075 1080

His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met Ile

1085 1090 1095

Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asp Asn Gly Ser Gln Ser Val

1100 1105 1110

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met

1115 1120 1125

Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp

1130 1135 1140

Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

1145 1150 1155

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg

1160 1165 1170

Thr Gln Ser Thr Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln

1175 1180 1185

Ala Gly Pro Asn Thr Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro

1190 1195 1200

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe
1205 1210 1215
Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His
1220 1225 1230

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala
1235 1240 1245
Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe Phe Pro Ile Asn Gly Val
1250 1255 1260
Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu
1265 1270 1275
Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro
1280 1285 1290

Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn Leu Gln Ser
1295 1300 1305
Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln Gly Ala
1310 1315 1320
Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly
1325 1330 1335
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
1340 1345 1350

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln
1355 1360 1365
Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val
1370 1375 1380
Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr
1385 1390 1395
Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn
1400 1405 1410

Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala
1415 1420 1425
Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr

1430 1435 1440

Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

1445 1450 1455

<210> 798

<211> 3095

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 798

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60

acaagcaatt acagattacg ggtgaggtaa cgagtgccaa tggggcgagg ctcagtataa 120

acaccatcag ggttcacagc aaattcaaca ttattagact tggcataatt ggaagtatac 180

tgaatttctg ggttccagcg cttgctgttt tctttctgca gctcccactc gatttccacg 240

ctgacttgtc cggtgctgta ctgcgtgatg aaggaggcaa acttggcagg agtaaacacc 300

tccggaggat tagcaggtac aggtgtgttt ttgatcagga tctgtggagg cgggtgtttg 360

agtccaaaac cgcccatcag aggagacggg tgaaagttgc catccgtgtg aggaattttg 420

gcccagatgg gaccctgcag atacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc aggcagtgct 480

ccctggctgt tgatagtctg tgattgaggc ccggctgtag acgactgcag gttgctggag 540

accacaccgt attcttctgt agccacaggg ttagtggtct tgatctcctc ctcgctggtc 600

atcagaacgt tttccagcgt agttttgttg gcagctcccg tcttgccaaa aaccagtacc 660

ccgttgatgg gaaagaactg gtcctcatca tccttgttgg ttgccatggg aatgccagga 720

ttggtcaaag agtttctgcc attcagatga tatttagtgg cagcagtcca ggcaaaattg 780

ctgttgttgt taaagtccaa gttctttgac agtctctgtt gcctatagca gggtccaggc 840

agccagttct ttgactgctc ggccatagta ttgggcccag cttgatgaaa ttgcagttcc 900

ctggtggaac ccgtggtgct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgaga 960

gggttcatca gccggtctag gctctggctg tgcgcgtagc tgctgtggaa aggcacgtcc 1020

tcgaagctgt aactgaactc aaagttgttg cccgttctca gcatttgaga ggggaaatat 1080

tccaggcagt agaaggagga acggcccacc gattggctgc cgttgtccag agtcaggtag 1140

ccgtactgag gaatcatgaa gacgtccgcc gggaacggag gcaggcagcc ctggtgcgca 1200

gagccgagga cgtacggcag ctggtattcc gagtccgaga agacctgaac cgtgctggta 1260

aggttattag cgatggtcgt gacgccgtca ttcgttgtga cctccttgac ctggatgttg 1320

aggagcttga accgcagctt cttgggccgg aatccccagt tgttgttgat gagtcgctgc 1380

cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaat ctgttaaagt caaaataccc ccaggggtg 1440

ctgtagccga agtagtggtt gtcattggtg gctcctgagc tgctgctgga gatttgcttg 1500

tagaggtggt tgttgtaggt ggggagggcc caggttctgg tgctggtggt gatgactctg 1560

tcgcccagcc atgtggaatc gcaatgccaa tttcctgagg cattacccac tccgtcggca 1620

ccttcgttat tgtctgccat tggtgcgcca ccgcctgcag ccattgtacc agatcccaca 1680

ctagagggcg ctgctggagg ttctccaaga ggttgagggt cggggactga ctctgagtcg 1740

ccagtctgac caaaattgag cttcttttta gcgggctgct ggccttttt gccgatgccc 1800

gtggaggagt ctggagagcc tatgggtctc ttctttccag gagccgtctt agcgccttcc 1860

tcaaccagac cgagaggttc gagaacccgc ttcttggcct ggaagactgc tcgcccgagg 1920

ttgcccccaa atgacgtatc ttcttgcaga cgctcctgaa actcggcgtc ggcgtggtta 1980

taccgcaggt acggattgtc acccgctttg agctgctggt cgtaggcctt gtcgtgctcg 2040

agggccgctg cgtccgccgc gttgacgggc tccccttgt cgagtccgtt gaagggtccg 2100

aggtacttgt agccaggaag caccagaccc cggccgtcgt cctgcttttg ctggttggct 2160

ttgggtttcg gggctccagg tttcaggtcc caccactcgc gaatgccctc agagaggttg 2220

tcctcgagcc aatctggaag ataaccatcg gcagccatac ctggtttaag tcatttattg 2280

ctcagaaaca cagtcgtcca ggtccacgtt gaccaggtcg caggccgagc aagcaatctc 2340

gggtgcccgc cccagcagat gatgaatcgc acacagcttc cgatacgtct tttttctgac 2400

gaccggttga gattctgaca cgccggggaa acattctaaa cagtctctga ccccgtgcgt 2460

gaagcaaatg ttgaaattct gattcattct ctcgcacgtt ttgcagggaa acagcacctg 2520

aagcatgccc gcgtgacgag aacatttgtt ttggtacctg tcggcaaagt ccaccggagc 2580

tccttccgcg tctgacgtcg atgggtccgt gactgaggga cgggcccgct tgggctcgct 2640

tatatccgcg tcatcggggg cgggtctttt gctggctccg ccctttctga cgtagaactc 2700

atgcgtcacc tcagtcacgt gatcactagc ccagcggaag aactctttga cttcctgctt 2760

tgtcaccttg ccaaagtcgt gttccagacg gcgggtgagt tcaaatttga acatccggtc 2820

ctgcaacggt tgctggtgct cgaaggtggt gctgttcccg tcgatcacgg cgcacatgtt 2880

ggtgttggag gtgacgatca cgggggtggg atcgatctgg gcggacgact tgcacttttg 2940

gtccacgcgc accttgctgc cgccgagaat ggccttggcg gactccacga ccttggccgt 3000

catcttgccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgacg caatcgttga agggaaagtt 3060

ctcattggtc cagttgacgc agcaagggcg aattc 3095

<210> 799

<211> 3095

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 799

gaattcgccc ttcgcagaga ccaaagttca actgaaacga atcaaccggt ttattgatta 60

acaagcaatt acagattacg ggtgaggtaa cgagtgccaa tggggcgagg ctcagtataa 120

acaccatcag ggttcacagc aaattcaaca ttattagact tggcataatt ggaagtatac 180

tgaatttctg ggttccagcg cttgctgttt tctttctgca gctcccactc gatttccacg 240

ctgacttgtc cggtgctgta ctgcgtgatg aaggaggcaa acttggcagg agtaaacacc 300

tccggaggat tagcaggtac aggtgtgttt ttgatcagga tctgtggagg cgggtgttcg 360

agtccaaaac cgcccatcag aggagacggg tgaaagttgc catccgtgtg aggaattttg 420

gcccagatgg gaccctgcag atacacgtcc cggttctgcc agaccatgcc aggcagtgct 480

ccctggctgt tgatagtctg tgattgaggc ccggctgtag acgactgcag gttgctggag 540

accacaccgt attcttctgt agccacaggg ttagtggtct tgatctcctc ctcgctggtc 600

atcagaacgt tttccagcgt agttttgttg gcagctcccg tcttgccaaa aaccagtacc 660

ccgttgatgg gaaagaactg gtcctcatca tccttgttgg ttgccatggg aatgccagga 720

ttggtcaaag agtttctgcc attcagatga tatttagtgg cagcagtcca ggcaaaattg 780

ctgttgttgt taaagtccaa gttctttgac agtctctgtt gcctatagca gggtccaggc 840

agccagttct ttgactgctc ggccatagta ttgggcccag cttgatgaaa ttgcagttcc 900

ctggtggaac ccgtggtgct ctgggtccgg gccaggtagt acaggtactg gtcgatgaga 960

gggttcatca gccggtctag gctctggctg tgcgcgtagc tgctgtggaa aggcacgtcc 1020

tcgaagctgt aactgaactc aaagttgttg cccgttctca gcatttgaga ggggaaatat 1080

tccaggcagt agaaggagga acggcccacc gattggctgc cgttgttcag agtcaggtag 1140

ccgtactgag gaatcatgaa gacgtccgcc gggaacggag gcaggcagcc ctggtgcgca 1200

gagccgagga cgtacggcag ctggtattcc gagtccgaga agacctgaac cgtgctggta 1260

aggttattag cgatggtcgt gacgccgtca ttcgttgtga cctccttgac ctggatgttg 1320

aagagcttga accgcagctt cttgggccgg aatccccagt tgttgttgat gagtcgctgc 1380

cagtcacgtg gtgagaagtg gcagtggaat ctgttaaagt caaaataccc ccaggggtg 1440

ctgtagccga agtagtggtt gtcattggtg gctcctgagc tgctgctgga gatttgcttg 1500

tagaggtggt tgttgtaggt ggggagggcc caggttctgg tgctggtggt gatgactctg 1560

tcgcccagcc atgtggaatc gcaatgccaa tttcctgagg cattacccac tccgtcggca 1620

ccttcgttat tgtctgccgt tggtgcgcca ccgcctgcag ccattgtacc agatcccaca 1680

ctagagggcg ctgctggagg ttctccaaga ggttgagggt cggggactga ctctgagtcg 1740

ccagtctgac caaaattgag cttcttttta gcgggctgct ggccttttt gccgatgccc 1800

gtggaggagt ctggagagtc tatgggtctc ttctttccag gagccgtctt agcgccttcc 1860

tcaaccagac cgagaggttc gagaacccgc ttcttggcct ggaagactgc tcgcccgagg 1920

ttgcccccaa atgacgtatc ttcttgcagg cgctcctgaa actcggcgtc ggcgtggtta 1980

taccgcaggt acggattgtc acccgctttg agctgctggt cgtaggcctt gtcgtgctcg 2040

agggccgctg cgtccgccgc gttgacgggc tccccttgt cgagtccgtt gaagggtccg 2100

aggtacttgt agccaggaag caccagaccc cggccgtcgt cctgcttttg ctggttggct 2160

ttgggtttcg gggctccagg tttcaggtcc caccactcgc gaatgccctc agagaggttg 2220

tcctcgagcc aatctggaag ataaccatcg gcagccatac ctggtttaag ccatttattg 2280

ctcagaaaca cagtcgtcca ggtccacgtt gaccaggtcg caggccgagc aggcaatctc 2340

gggtgcccgc cccagcagat gatgaatcgc acacagcttc cgatacgtct tttttctgac 2400

gaccggttga gattctgaca cgccggggaa acattctaaa cagtctctga ccccgtgcgt 2460

gaagcaaatg ttgaaattct gattcattct ctcgcacgtt ttgcagggaa acagcatctg 2520

aagcatgccc gcgtggcgag aacatttgtt ttggtacctg tcggcaaagt ccaccggagc 2580

tccttccgcg tctgacgtcg atgggtccgt gactgaggga caggcccgct tgggctcgct 2640

tatatccgcg tcatcggggg cgggtctttt gctggctccg ccctttctga cgtagaactc 2700

atgcgtcacc tcagtcacgt gatcactagc ccagcggaag aactctttga cttcctgctt 2760

tgtcaccttg ccaaagtcgt gttccagacg gcgggtgagt tcaaatttga acatccggtc 2820

ctgcaacggc tgctggtgct cgaaggtggt gctgttcccg tcgatcacgg cgcgcatgtt 2880

ggtgttggag gtgacgatca cgggggtggg atcgatctgg gcggacgact tgcactttg 2940

gtccacgcgc accttgctgc cgccgagaat ggccttggcg gactccacga ccttggccgt 3000

catcttgccc tcctcccacc agatcaccat cttgtcgacg caatcgttga agggaaagtt 3060

ctcattggtc cagttgacgc agcaagggcg aattc 3095

<210> 800

<211> 729

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 800

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190

Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Thr Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255

Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr

260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe

275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val

305 310 315 320

Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335

Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val

370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro

405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr

435 440 445

Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr

450 455 460

Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln

465 470 475 480

Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala

485 490 495

Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr

500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
515 520 525

Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560

Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575

Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590

Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Glu His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile
705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725

<210> 801

<211> 729

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 801

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145 150 155 160

Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
165 170 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
180 185 190
Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Thr Ala
195 200 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile
245 250 255
Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr
260 265 270
Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe
275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg
290 295 300
Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val
305 310 315 320
Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr
325 330 335
Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365
Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu
385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro
405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn
420 425 430
Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr
435 440 445
Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr
450 455 460
Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
465 470 475 480

Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala

485 490 495

Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr

500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe

515 520 525

Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn

530 535 540

Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys

545 550 555 560

Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn

565 570 575

Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln

580 585 590

Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln

595 600 605

Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro

610 615 620

Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile

625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr

645 650 655

Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val

660 665 670

Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp

675 680 685

Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val

690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 802

<211> 729

<212> PRT

<213

> Adeno-associated virus

<400> 802

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Ile Asp Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys Lys Gly Gln
145                 150                 155                 160
Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Asn Phe Gly Gln Thr Gly Asp Ser Glu
                165                 170                 175
Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro Ala Ala Pro Ser
            180                 185                 190

Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly Ala Pro Met Ala
        195                 200                 205
Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asn Trp
```

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Gln Ile

245 250 255

Ser Ser Ser Ser Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His Tyr Phe Gly Tyr

260 265 270

Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe

275 280 285

Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Phe Arg

290 295 300

Pro Lys Lys Leu Arg Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val

305 310 315 320

Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335

Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly

340 345 350

Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met

355 360 365

Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ser Val

370 375 380

Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400

Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr Ser Phe Glu Asp Val Pro

405 410 415

Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn

420 425 430

Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala Arg Thr Gln Ser Thr

435 440 445

Thr Gly Ser Thr Arg Glu Leu Gln Phe His Gln Ala Gly Pro Asn Thr

450 455 460

Met Ala Glu Gln Ser Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln
465 470 475 480
Gln Arg Leu Ser Lys Asn Leu Asp Phe Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala
485 490 495
Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Thr
500 505 510

Asn Pro Gly Ile Pro Met Ala Thr Asn Lys Asp Asp Glu Asp Gln Phe
515 520 525
Phe Pro Ile Asn Gly Val Leu Val Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn
530 535 540
Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu Met Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys
545 550 555 560
Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu Tyr Gly Val Val Ser Ser Asn
565 570 575

Leu Gln Ser Ser Thr Ala Gly Pro Gln Ser Gln Thr Ile Asn Ser Gln
580 585 590
Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln
595 600 605
Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro
610 615 620
Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile
625 630 635 640

Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr
645 650 655
Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val
660 665 670
Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp
675 680 685
Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Asn Asn Val
690 695 700

Glu Phe Ala Val Asn Pro Asp Gly Val Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile

705 710 715 720

Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725

<210> 803

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 803

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tacaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcggcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gcccttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgcacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560
aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620
ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680
atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740
gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800
caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920
ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980
ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100
attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160
ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgctacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 804
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 804

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Arg Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Pro Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 805
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 805

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg ataacttgca gcaaaccaat acggggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040

gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100

attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160

ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 806

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 806

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Thr Asn Thr Gly
580 585 590
Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 807

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 807

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asp Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Gln Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ala Asn Met Ser Ala Arg Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Tyr Ser Ser Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Ala Asn Thr Gly

580 585 590

Pro Ile Val Gly Asn Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Ser Gln Ala Lys Leu Ala Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Ser Glu
705 710 715 720

Gly Thr Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 808

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 808

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcaggatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcgggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg ttgctatggc aacgcataag gacgacgagg aacgtttctt tccatcgagc 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta tagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaggaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaagccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaaa ttcctcacac ggacggcaat tttcacccgt ctcctctgat gggcggcttt 1920

ggactgaagc acccacctcc ccagatcctg atcaagaata cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacgacgt tcagccaggc aaaattggct tccttcatca cgcagtacag caccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgatg gaacccagaa 2100

attcagtaca cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caattctgag 2160

ggtacatatt cagagcctcg ccccattggt actcgttatc tgacacgtaa tctgtaa 2217

<210> 809

<211> 2211

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 809

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gcctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctcg aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccagtaga gcagtcaccc caagaaccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagaaaggcc aacagcccgc cagaaaaaga ctcaattttg gccagactgg cgactcagag 540

tcagttccag accctcaacc tctcggagaa cctccagcag cgccctctgg tgtgggacct 600

aatacaatgg ctgcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa cctcaccagc 1020

accatccagg tgtttacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacgaggagc gttttttccc agtaacggga 1620

tcctgttttt ggcaacaaaa tgctgccaga gacaatgcgg attacagcga tgtcatgctc 1680

accagcgagg aagaaatcaa aaccactaac cctgtggcta cagaggaata cggtatcgtg 1740

gcagataact tgcagcagca aaacacggct cctcaaattg gaactgtcaa cagccagggg 1800

gccttacccg gtatggtctg gcagaaccgg gacgtgtacc tgcagggtcc catctgggcc 1860

aagattcctc acacggacgg caacttccac ccgtctccgc tgatgggcgg ctttggcctg 1920

aaacatcctc cgcctcagat cctgatcaag aacacgcctg tacctgcgga tcctccgacc 1980

accttcaacc agtcaaagct gaactctttc atcacgcaat acagcaccgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg aatgggagct acagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc cgagatccag 2100

tacacctcca actactacaa atctacaagt gtggactttg ctgttaatac agaaggcgtg 2160

tactctgaac cccgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtaatctgta a 2211

<210> 810

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 810

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Pro Asn Thr Met Ala Ala Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Val Thr Gly Ser Cys Phe Trp

530 535 540

Gln Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu

545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln

580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 811

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 811

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcagcgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctgcgac 240

cagcggctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaagg gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggctg acaataacga gggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaatcacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

ccctttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga cgaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 812

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 812

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Ser Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Cys Asp
65 70 75 80

Gln Arg Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Gly
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Phe Asp Glu Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 813

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 813

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gaccccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctcaaca acggtagtca ggccgtggga cgttcctcct tctactgcct ggagtacttc 1200

ccctctcaga tgctgagaac gggcaacaac ttttccttca gctacacttt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agtttggaca ggctgatgaa tcctctcatc 1320

gaccagtacc tgtactacct gtcaagaacc cagtctacgg gaggcacagc gggaacccag 1380

cagttgctgt tttctcaggc cgggcctagc aacatgtcga ctcaggccag aaactggctg 1440

cctggaccct gctacagaca gcagcgcgtc tccacgacac tgtcgcaaaa caacaacagc 1500

aactttgcct ggactggtgc caccaagtat catctgaacg gcagagactc tctggtgaat 1560

ccgggcgtcg ccatggcaac caacaaggac gacgaggacc gcttcttccc atccagcggc 1620

atcctcatgt ttggcaagca gggagctgga aaagacaacg tggactatag caacgtgatg 1680

ctaaccagcg aggaagaaat caagaccacc aaccccgtgg ccacagaaca gtatggcgtg 1740

gtggctgata acctacagca gcaaaacacc gctcctattg tgggggccgt caacagccag 1800

ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcctatttgg 1860

gccaagattc ctcacacaga tggcaacttt cacccgtctc ctttaatggg cggctttgga 1920

cttaaacatc cgcctcctca gatccttatc aaaaacactc ctgttcctgc ggatcctcca 1980

acagcgttca accaggccaa gctgaattct ttcatcacgc agtacagcac cggacaagtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgttaa tactgagggt 2160

gcttactctg agcctcgccc cattggcact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 814

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 814

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu Phe

450 455 460

Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Thr Gln Ala Arg Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr Asn

515 520 525

Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly
705 710 715 720

Ala Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 815

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 815

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaaggcc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 816

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 816

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 817

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 817

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagcacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgctga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacggttc aggtcttttc ggactcggaa taccagctgc cctacgtcct cggctccgca 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

ctgactctga acaatggcag ccaatcggtg ggtcgttcct ctttctactg cctggaatat 1200

ttcccttctc aaatgctgag aacgggcaac aacttcacct tcagctacac cttcgaggac 1260

gttcccttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcctgg accggctgat gaatcctctt 1320

atcgaccagt acctgtatta cctggccaga acacagagca acgcaggagg cacagctggc 1380

aatcgggaac tgcagtttta tcagggcggg cctaccacca tggccgaaca agccaaaaac 1440

tggctgcctg gaccttgctt ccggcaacaa agagtctcca agacgctgga tcaaaacaac 1500

aacagcaact ttgcttggac tggtgccacc aaataccatc taaatggaag aaattcattg 1560

gttaatcccg gtgtcgccat ggcaacccac aaggacgacg aggaacgctt cttcccttcg 1620

agcggagtcc tgatttttgg aaaaactgga gcagctaata agactacact ggaaaatgtg 1680

ttaatgacaa atgaagagga aattcgtcct accaacccgg tagccaccga ggaatacggg 1740

actgttagca gcaacctgca ggcggctaac actgcagccc agacacaagt tgtcaacaac 1800

cagggagcct tacctggtat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac tttcacccgt ctccgctgat gggcggcttt 1920

ggactgaagc atccgcctcc tcagatcctg atcaaaaaca ctcctgttcc tgctaatccc 1980

ccggaggtgt ttacgcctgc caagtttgct tctttcatca cacagtacag caccggccag 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cctccaattt tgacaaacag actggtgtgg actttgccgt tgacagccag 2160

ggtgtttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 818

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 818

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys His Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ala Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu
450 455 460
Gln Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn
465 470 475 480
Trp Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu
485 490 495

Asp Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr
500 505 510
His Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala
515 520 525
Thr His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu
530 535 540
Ile Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val
545 550 555 560

Leu Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala
580 585 590
Ala Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 819
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 819
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Lys Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Ser

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 820

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 820

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Ser
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445
Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460
Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 821

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 821

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700
Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 822
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 822
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Lys Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 823

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 823

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggctg acaataacaa gggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca gcaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 824

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 824

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgcac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acttatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggag taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggcaac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acatgggcta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacgg caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 825

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 825

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro His Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Leu Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Asn Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Met Gly Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Gly Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 826

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 826

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccggaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

gtcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gagcccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 827

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 827

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Gly Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Ser Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 828

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 828

atggttgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcagggc 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctta aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagctt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgcg ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gccagcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagccgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 829

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 829

Met Val Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

```
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Gly Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Leu Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145                 150                 155                 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
                165                 170                 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
            180                 185                 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
        195                 200                 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
    210                 215                 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225                 230                 235                 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
                245                 250                 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
            260                 265                 270
```

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Gln Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Pro Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 830

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 830

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa tagcctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactccca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgtcttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800
cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacttgca gggtcctatt 1860
tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920
ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980
ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040
gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100
attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 831
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 831

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335

Asn Ser Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Pro Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Ser Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 832

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 832

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Val His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Ser Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Pro Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 833
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 833

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgtgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aattcgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc ccacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 834

<211> 734

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 834

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Arg Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Thr Ala Ser Gly Thr Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln Ala
450 455 460

Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro
465 470 475 480
Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn Asn
485 490 495
Ser Asn Phe Pro Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr Tyr Leu Asn Gly Arg
500 505 510

Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp
515 520 525
Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys Glu
530 535 540
Gly Thr Asn Ala Thr Asn Ala Glu Leu Glu Asn Val Met Ile Thr Asp
545 550 555 560
Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr Gly
565 570 575

Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Ala Ala Ser Thr Glu
580 585 590
Thr Val Asn His Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg
595 600 605
Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655
Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu
675 680 685
Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Asn
690 695 700

Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr Ser

705 710 715 720

Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730

<210> 835

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 835

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctctcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct cttcaacatc 960

caagtcaagg aggtcacgac gaatgacggc gtcacgacca tcgctaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggagtac cagctgccgt acgtcctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttcctcagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtggga cgttcatcct tctactgcct ggaatacttc 1200

ccttctcagg tgctgagaac gggtaacaac ttcaccttca gttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc gcacagccag agcctagacc ggctgatgaa tcccctcatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggctagaaca cagagtaacc caggaggcac atctggcaat 1380

cgggaactgc agttttacca gggcgggcct tccaccatgg ccgaacaagc caagaactgg 1440

ttacctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtttccaaaa cactggatca aaacaacaac 1500
agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggcagaaa ctcattggtg 1560
aatcctggtg tcgccatggc aactcacaag gacgacgagg accgcttttt cccatccagc 1620
ggagtcctga tttttggaaa aactggagca accaacaaga ctacattgga aaacgtgtta 1680
atgacaaatg aagaagaaat tcgtcctact aatcctgtgg ccacagaaga atacgggata 1740
gtcagcagca atttacaagc ggccaatact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800
ggagccttac ctggcatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaaaattc ctcacacaga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920
ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980
gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040
agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100
cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160
gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 836
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 836

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Val Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Pro Gly Gly Thr Ser Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Ser Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Thr Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735

Leu

<210> 837
<211> 2214
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 837

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca cacggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccggac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacgaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 838

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 838

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Arg Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Arg Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 839

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 839

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgtc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gcggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaagcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tccgtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tttgggatct 600

actacaatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cttcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggcccagccc acctacaaca accacctcta caagcaaatc 780

tcaagccaat caggagcctc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcgggtcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtcccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcggt aggacgctct tccttttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgcttc gtactggaaa caactttcag ttcagctaca cctttgaaga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gatcggctga tgaatcctct gatcgaccag 1320

tacctgtatt atctgaacaa aacacaatca aatagtggag ctcttcagca gtctcggcta 1380

ctgtttagtc aagctggacc caccagcatg tctcttcaag ctaaaaactg gctacctgga 1440

ccttgctaca gacagcagcg tctgtcaaag caggcaaacg acaacaacaa cagcaacttt 1500

ccctggactg cggctacaaa gtaccaccta aatggccggg actcgttggt taatccagga 1560

ccagctatgg ccagtcacaa agacgatgaa gaaaagtttt tccccatgca tggaaccctg 1620

atatttggta aacaaggaac aaatgctaac gacgcggatt tggacaatgt catgattaca 1680

gatgaagaag aaatccgcac caccaatccc gtggctacgg agcagtacgg atatgtgtca 1740

aataatttgc aaaactcaaa tactggtcca actactggaa ctgtcaatca ccgaggagcg 1800

ttacctggca tggtgtggca ggatcgagac gtgtacctgc agggacccat ttgggccaag 1860

attcctcaca ccgatggaca ctttcatcct tctccactga tgggaggttt tgggctcaaa 1920

cacccgcctc ctcagatcat gatcaaaaac actcccgttc cagccaatcc tcccacaaac 1980

ttcagttctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtatt ccacggggca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaagagaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaaatc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 840

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 840

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Ser Thr Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Gln Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Lys Thr
435 440 445

Gln Ser Asn Ser Gly Ala Leu Gln Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Pro Thr Ser Met Ser Leu Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Gln Ala Asn Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Thr Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Thr Asn Ala Asn Asp Ala Asp Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Tyr Val Ser Asn Asn Leu Gln Asn Ser Asn Thr Gly Pro Thr Thr

580 585 590

Gly Thr Val Asn His Arg Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Pro Thr Asn Phe Ser Ser Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 841

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 841

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctgc aggcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgcg ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

acctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgcgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 842

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 842

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Gln Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Thr Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Ala Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 843

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 843

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggccgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagctgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440
ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500
agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560
aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620
ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680
atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740
gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860
tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920
ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaagca ctcctgttcc tgcggatcct 1980
ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040
gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagtgctg gaacccagag 2100
attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160
ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 844
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 844

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Ser Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Cys Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 845

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 845

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Ser Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 846
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 846
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggctg acaataacga gggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccctaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980
ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040
gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100
attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160
ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 847
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 847

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335
Asn Pro Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 848

<211> 2208

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 848

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcac 60

gagtggtggg acccgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacccaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaacg tctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgtcact tctcaccacg tgaccggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cggaaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc ctcagatcct gatcaaaaac actcctgttc ctgctaatcc cccggaggtg 1980

tttacgcctg ccaagtttgc ttctttcatc acacagtaca gcaccggcca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggagaac agcaagcgct ggaacccaga gattcagtat 2100

acctccaatt ttgacaaaca gactggtgtg gactttgccg ttgacagcca gggtgtttat 2160

tctgagcctc gccccattgg tactcgttac ctcacccgta atctgtaa 2208

<210> 849

<211> 735

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 849

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile His Glu Trp Trp Asp Pro Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr His Asn Asn His
245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Arg Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Glu Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Phe
690 695 700

Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 850
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 850
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Pro Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415
Pro Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asp Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Val Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 851

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 851

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaagg ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgacccatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctaccc tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaagac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcaggtcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 852

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 852

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttc 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggctgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gagccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggctg acaataacaa gggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gggtgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atgacagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 853

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 853

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Ala Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Lys Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Gly Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Asp Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700
Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 854
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus

<400> 854

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860
tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920
ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980
ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040
gtcagcgtgg agatcgtgtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgcag gaacccagag 2100
attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160
ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 855
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 855

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Val Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Arg Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 856
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 856

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 857

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 857

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp
260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala
580 585 590
Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655
Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670
Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Val Trp Glu

675 680 685
Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700
Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu
705 710 715 720
Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735
Asn Leu

<210> 858
<211> 738
<212
> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 858
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala
325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380
Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 859

<211> 2214

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 859

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctagac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860
gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920
ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980
gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040
agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100
cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160
gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 860
<211> 737
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 860

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270
Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380
Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Arg Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700
Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 861
<211> 2214
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 861
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accatgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcctccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480
ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600
tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660
ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720
atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccttca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

cgggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttt cacccgtctc cgctgatggg cggctttgga 1920

ctgaagcatc cgcctcctca gatcctgatc aaaaacactc ctgttcctgc taatcccccg 1980

gaggtgttta cgcctgccaa gtttgcttct ttcatcacac agtacagcac cggccaggtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatacct ccaattttga caaacagact ggtgtggact ttgccgttga cagccagggt 2160

gtttattctg agcctcgccc cattggtact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 862

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 862

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190
Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575
Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640
Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700
Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly
705 710 715 720
Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn
725 730 735
Leu

<210> 863
<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 863

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Leu Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn
260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380
Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr
405 410 415
Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala
435 440 445
Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Arg Glu Leu Gln
450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile

530 535 540

Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu

545 550 555 560

Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala

580 585 590

Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asn Pro Pro Glu Val Phe Thr Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Phe Asp Lys Gln Thr Gly Val Asp Phe Ala Val Asp Ser Gln Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 864

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 864

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga acggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccacccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tctttcatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg tgatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcttcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 865

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 865

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175
Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val
225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270
Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
275 280 285
Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
290 295 300
Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn
305 310 315 320
Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335
Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser

420 425 430

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu

450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp

465 470 475 480

Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser

485 490 495

Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His

500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr

515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Pro Ser Gly Ile Leu Met

530 535 540

Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val

545 550 555 560

Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr

565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe
660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Val Ile Glu Trp Glu
675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr
690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Leu Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg
725 730 735

Asn Leu

<210> 866
<211> 2214
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 866

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctagaaag agactgaact ttgggcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgcc ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta atgcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggctttg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccagtc agtcagcagg tagcaccaac gacaacgtct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgtcacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagaagctca acttcaagct gttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacaac gaatgacggc gtcacgacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggttcagg tcttttcgga ctcggaatac cagctgccct acgtcctcgg ctccgcacac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtcttcatga ttccccagta cggctacctg 1140

actctgaaca atggcagcca atcggtgggt cgttcctctt tctactgcct ggaatatttc 1200

ccttctcaaa tgctgagaac gggcaacaac ttcaccatca gctacacctt cgaggacgtt 1260

cccttccaca gcagctacgc acacagccag agcctggacc ggctgatgaa tcctcttatc 1320

gaccagtacc tgtattacct ggccagaaca cagagcaacg caggaggcac agctggcaat 1380

caggaactgc agttttatca gggcgggcct accaccatgg ccgaacaagc caaaaactgg 1440

ctgcctggac cttgcttccg gcaacaaaga gtctccaaga cgctggatca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa taccatctaa atggaagaaa ttcattggtt 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccttcgagc 1620

ggagtcctga tttttggaaa aactggagca gctaataaga ctacactgga aaatgtgtta 1680

atgacaaatg aagaggaaat tcgtcctacc aacccggtag ccaccgagga atacgggact 1740

gttagcagca acctgcaggc ggctaacact gcagcccaga cacaagttgt caacaaccag 1800

ggagccttac ctggtatggt ctggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacaga tggcaacttt cacccgtctc ctttaatggg cggctttgga 1920

cttaaacatc cgcctcctca gatcctcatc aaaaacactc ctgttcctgc ggatcctcca 1980

acagcgttca accaggccaa gctgaattct ttcatcacgc agtacagcac cggacaagtc 2040

agcgtggaga tcgagtggga gctgcagaag gagaacagca agcgctggaa cccagagatt 2100

cagtatactt ccaactacta caaatctaca aatgtggact ttgctgttaa tactgagggt 2160

gtttactctg agcctcgccc cattggcact cgttacctca cccgtaatct gtaa 2214

<210> 867

<211> 737

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 867

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln
165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190

Pro Ala Gly Pro Ser Gly Leu Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn

210 215 220

Ala Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Ala Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Val Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ser Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Ile Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ala

435 440 445

Arg Thr Gln Ser Asn Ala Gly Gly Thr Ala Gly Asn Gln Glu Leu Gln

450 455 460

Phe Tyr Gln Gly Gly Pro Thr Thr Met Ala Glu Gln Ala Lys Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Phe Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Leu Asp
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Asn Gly Arg Asn Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
His Lys Asp Asp Glu Glu Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile
530 535 540
Phe Gly Lys Thr Gly Ala Ala Asn Lys Thr Thr Leu Glu Asn Val Leu
545 550 555 560
Met Thr Asn Glu Glu Glu Ile Arg Pro Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu
565 570 575

Glu Tyr Gly Thr Val Ser Ser Asn Leu Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala
580 585 590
Gln Thr Gln Val Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp
595 600 605
Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro
610 615 620
His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly
625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro
645 650 655
Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile
660 665 670
Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu
675 680 685
Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser
690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn

725 730 735

Leu

<210> 868

<211> 2217

<212> DNA

<213> Adeno-associated virus

<400> 868

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acctgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata atcacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga gccgtcacca cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgccagaaag agactcaatt tcggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca acctatcgga gaacctccag cagcgccctc tagtgtggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgca ccaatggcag acaataacga aggtgccgac 660

ggagtgggta gttcctcggg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccgcctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atctccaacg ggacctcggg aggcagcacc aacgacaaca cctactttgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg cccaagagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aagaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taacctcacc 1020

agcaccatcc aggtgtttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctctgcc 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gatgtcttca tgattcctca gtacggctac 1140

ctgactctca acaacggtag tcaggccgtg ggacgttcct ccttctactg cctggagtac 1200

ttcccctctc agatgctgag aacgggcaac aacttttcct tcagctacac tttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcgcacagc cagagtttgg acaggctgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cctgtcaaga acccagtcta cgggaggcac agcgggaacc 1380

cagcagttgc tgttttctca ggccgggcct agcaacatgt cggctcaggc cagaaactgg 1440

ctgcctggac cctgctacag acagcagcgc gtctccacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cctggactgg tgccaccaag tatcatctga gcggcagaga ctctctggtg 1560

aatccgggcg tcgccatggc aaccaacaag gacgacgagg accgcttctt cccatccagc 1620

ggcatcctca tgtttggcaa gcagggagct ggaaaagaca acgtggacta tagcaacgtg 1680

atgctaacca gcgaggaaga aatcaagacc accaaccccg tggccacaga acagtatggc 1740

gtggtggctg ataacctaca gcagcaaaac accgctccta ttgtgggggc cgtcaacagc 1800

cagggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgggacg tgtacctgca gggtcctatt 1860

tgggccaaga ttcctcacac agatggcaac tttcacccgt ctcctttaat gggcggcttt 1920

ggacttaaac atccgcctcc tcagatcctc atcaaaaaca ctcctgttcc tgcggatcct 1980

ccaacagcgt tcaaccaggc caagctgaat tcttccatca cgcagtacag caccggacaa 2040

gtcagcgtgg agatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaagcgctg gaacccagag 2100

attcagtata cttccaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt taatactgag 2160

ggtgtttact ctgagcctcg ccccattggc actcgttacc tcacccgtaa tttgtaa 2217

<210> 869

<211> 738

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 869

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile

145 150 155 160

Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Ala Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln
340 345 350
Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe
355 360 365
Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn
370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr
385 390 395 400
Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr
405 410 415
Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445

Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460
Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510

Leu Ser Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525
Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575

Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala

580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val

595 600 605

Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile

610 615 620

Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe

625 630 635 640

Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val

645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Ser

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 870

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 870

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 871
<211> 2217
<212> DNA
<213> Adeno-associated virus
<400> 871
atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acctgaaacc tggagccccc aagcccaagg ccaaccagca gaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagctgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccggtaga accgtcacct cagcgttccc ccgactcctc cacgggcatc 480

ggcaagaaag gccagcagcc cgctaaaaag agactgaact ttggtcagac tggcgactca 540

gagtcagtcc ccgaccctca accaatcgga gaaccaccag caggcccctc tggtctggga 600

tctggtacaa tggctgcagg cggtggcgct ccaatggcag acaataacga aggcgccgac 660

ggagtgggta gttcctcagg aaattggcat tgcgattcca catggctggg cgacagagtc 720

atcaccacca gcacccgaac ctgggccctg cccacctaca acaaccacct ctacaagcaa 780

atatccaatg ggacatcggg aggaagcacc aacgacaaca cctacttcgg ctacagcacc 840

ccctgggggt attttgactt caacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag 900

cgactcatca acaacaactg gggattccgg ccaaaaagac tcagcttcaa gctcttcaac 960

atccaggtca aggaggtcac gcagaatgaa ggcaccaaga ccatcgccaa taaccttacc 1020

agcacgattc aggtatttac ggactcggaa taccagctgc cgtacgtcct cggctccgcg 1080

caccagggct gcctgcctcc gttcccggcg gacgtcttca tgattcccca gtacggctac 1140

cttacactga acaatggaag tcaagccgta ggccgttcct ccttctactg cctggaatat 1200

tttccatctc aaatgctgcg aactggaaac aattttgaat tcagctacac cttcgaggac 1260

gtgcctttcc acagcagcta cgcacacagc cagagcttgg accgactgat gaatcctctc 1320

atcgaccagt acctgtacta cttatccaga actcagtcca caggaggaac tcaaggtacc 1380

cagcaattgt tattttctca agctgggcct gcaaacatgt cggctcaggc taagaactgg 1440

ctacctggac cttgctaccg gcagcagcga gtctctacga cactgtcgca aaacaacaac 1500

agcaactttg cttggactgg tgccaccaaa tatcacctga acggaagaga ctctttggta 1560

aatcccggtg tcgccatggc aacccacaag gacgacgagg aacgcttctt cccgtcgagt 1620

ggagtcctga tgtttggaaa acagggtgct ggaagagaca atgtggacta cagcagcgtt 1680

atgctaacca gcgaagaaga aattaaaacc actaaccctg tagccacaga acaatacggt 1740

gtggtggctg acaacttgca gcaaaccaat acagggccta ttgtgggaaa tgtcaacagc 1800

caaggagcct tacctggcat ggtctggcag aaccgagacg tgtacctgca gggtcccatc 1860

tgggccaaga ttcctcacac ggacggcaac ttccaccctt caccgctaat gggaggattt 1920

ggactgaagc acccacctcc tcagatcctg atcaagaaca cgccggtacc tgcggatcct 1980

ccaacaacgt tcagccaggc gaaattggct tccttcatta cgcagtacag caccggacag 2040
gtcagcgtgg aaatcgagtg ggagctgcag aaggagaaca gcaaacgctg gaacccagag 2100
attcagtaca cttcaaacta ctacaaatct acaaatgtgg actttgctgt caatacagag 2160
ggaacttatt ctgagcctcg ccccattggt actcgttacc tcacccgtaa tctgtaa 2217

<210> 872
<211> 738
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus
<400> 872

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175

Thr Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro

180 185 190

Pro Ala Ala Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly

195 200 205

Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser

210 215 220

Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240

Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His

245 250 255

Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp

260 265 270

Asn Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn

275 280 285

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn

290 295 300

Asn Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn

305 310 315 320

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala

325 330 335

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Ile Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln

340 345 350

Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe

355 360 365

Pro Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn

370 375 380

Asn Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr

385 390 395 400

Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Ser Phe Ser Tyr

405 410 415

Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser
420 425 430
Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu
435 440 445
Ser Arg Thr Gln Ser Thr Gly Gly Thr Ala Gly Thr Gln Gln Leu Leu
450 455 460

Phe Ser Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Ser Ala Gln Ala Arg Asn Trp
465 470 475 480
Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Leu Ser
485 490 495
Gln Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His
500 505 510
Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Thr
515 520 525

Asn Lys Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Ile Leu Met
530 535 540
Phe Gly Lys Gln Gly Ala Gly Lys Asp Asn Val Asp Tyr Ser Asn Val
545 550 555 560
Met Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr
565 570 575
Glu Gln Tyr Gly Val Val Ala Asp Asn Leu Gln Arg Gln Asn Thr Ala
580 585 590

Pro Ile Val Gly Ala Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val
595 600 605
Trp Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile
610 615 620
Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe
625 630 635 640
Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val
645 650 655

Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe

660 665 670

Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu

675 680 685

Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr

690 695 700

Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu

705 710 715 720

Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg

725 730 735

Asn Leu

<210> 873

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 873

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Leu Asn Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Asp Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Gly

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Lys Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Thr Pro Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Pro Ser Pro Gln Arg Ser Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile
145 150 155 160
Gly Lys Lys Ser Pro His Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln

165 170 175
Thr Gly Glu Ala Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro
180 185 190
Pro Ser Asp Pro Ser Ser Val Gly Ser Gly Thr Met Ala Ala Gly Gly
195 200 205
Gly Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn
210 215 220
Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val

225 230 235 240
Ile Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His
245 250 255
Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Thr Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys

435 440 445

Thr Gln Gly Thr Asn Ala Thr Val Gln Gly Ala Lys Leu Gln Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Asn Met Arg Asp Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Tyr Ala Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met Asn Gly Thr Leu Val Phe Gly

530 535 540

Lys Asn Gly Ala Gly Asn Ser Asn Val Asp Ile Glu Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln

565 570 575

Tyr Gly Val Val Ser Asp Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Arg Pro Ile

580 585 590

Thr Gly Asp Val Asp Ser Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Ala Thr Thr Phe Thr Pro Gly Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 874
<211> 736
<212> PRT
<213> Adeno-associated virus

<400> 874
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr
405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val
435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Asp Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 875

<211> 736

<212> PRT

<213> Adeno-associated virus

<400> 875

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735
<210> 876
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 876
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 877

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 877

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Arg Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Arg Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 878

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 878

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Pro Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ser Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Val

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Thr Gly Gly Thr Gln Thr Leu Ala Phe Ser

450 455 460

Gln Ala Gly Pro Ser Ser Met Ala Asn Gln Ala Arg Asn Trp Val Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Asn Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Gly Ala Ala Lys Phe Lys Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Met Asn Pro Gly Val Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Ala Phe Phe Pro Ser Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Asn Asp Gly Val Asp Tyr Ser Gln Val Leu Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu

565 570 575

Tyr Gly Ala Val Ala Ile Asn Asn Gln Ala Ala Asn Thr Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Leu Val His Asn Gln Gly Val Ile Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Leu Thr Phe Asn Gln Ala Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Asn Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 879

<211> 1803

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 879

acggcgcctg cggcaaaaaa gaggcctcta gagcagagtc ctcaagagcc agactcctcg 60

agcggagttg gcaagaaagg caaacagcct gccagaaaga gactcaactt tgacgacgaa 120

cctggagccg gagacgggcc tcccccagaa ggaccatctt ccggagctat gtctactgag 180

actgaaatgc gtgcagcagc tggcggaaat ggtggcgatg cgggacaagg tgccgaggga 240

gtgggtaatg cctccggtga ttggcattgc gattccactt ggtcagagag ccacgtcacc 300

accacctcaa cccgcacctg ggtcctgccg acctacaaca accacctgta cctgcggctc 360

ggctcgagca acgccagcga caccttcaac ggattctcca ccccctgggg atactttgac 420

tttaaccgct tccactgcca cttctcgcca agagactggc aaaggctcat caacaaccac 480

tggggactgc gccccaaaag catgcaagtc cgcatcttca acatccaagt taaggaggtc 540

acgacgtcta acggggagac gaccgtatcc aacaacctca ccagcacggt ccagatcttt 600

gcggacagca cgtacgagct cccgtacgtg atggatgcag gtcaggaggg cagcttgcct 660

cctttcccca acgacgtgtt catggtgcct cagtacgggt actgcggact ggtaaccgga 720

ggcagctctc aaaaccagac agacagaaat gccttctact gtctggagta ctttcccagc 780

cagatgctga gaaccggaaa caactttgag atggtgtaca agtttgaaaa cgtgcccttc 840

cactccatgt acgctcacag ccagagcctg gataggctga tgaacccgct gctggaccag 900

tacctgtggg agctccagtc taccacctct ggaggaactc tcaaccaggg caattcagcc 960

accaactttg ccaagctgac caaaacaaac ttttctggct accgcaaaaa ctggctcccg 1020

gggcccatga tgaagcagca gagattctcc aagactgcca gtcaaaacta caagattccc 1080

cagggaagaa acaacagtct gctccattat gagaccagaa ctaccctcga cggaagatgg 1140

agcaattttg ccccgggaac ggccatggca accgcagcca acgacgccac cgacttctct 1200

caggcccagc tcatctttgc ggggcccaac atcaccggca acaccaccac agatgccaat 1260

aacctgatgt tcacttcaga agatgaactt agggccacca acccccggga cactgacctg 1320

tttggccacc tggcaaccaa ccagcaaaac gccaccaccg ttcctaccgt agacgacgtg 1380

gacggagtcg gcgtgtaccc gggaatggtg tggcaggaca gagacattta ctaccaaggg 1440

cccatttggg ccaaaattcc acacacggat ggacactttc acccgtctcc tctcattggc 1500

ggatttggac tgaaaagccc gcctccacaa atattcatca aaaacactcc tgtacccgcc 1560

aatcccgcaa cgaccttctc tccggccaga atcaacagct tcatcaccca gtacagcacc 1620

ggacaggtgg ctgtcaaaat agaatgggaa atccagaagg agcggtccaa gagatggaac 1680

ccagaggtcc agttcacgtc caactacgga gcacaggact cgcttctctg ggctcccgac 1740

aacgccggag cctacaaaga gcccagggcc attggatccc gatacctcac caaccacctc 1800

tag 1803

<210> 880

<211> 1617

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 880

atgcgtgcag cagctggcgg aaatggtggc gatgcgggac aaggtgccga gggagtgggt 60

aatgcctccg gtgattggca ttgcgattcc acttggtcag agagccacgt caccaccacc 120

tcaacccgca cctgggtcct gccgacctac aacaaccacc tgtacctgcg gctcggctcg 180

agcaacgcca gcgacacctt caacggattc tccacccccct ggggatactt tgactttaac 240

cgcttccact gccacttctc gccaagagac tggcaaaggc tcatcaacaa ccactgggga 300

ctgcgcccca aaagcatgca agtccgcatc ttcaacatcc aagttaagga ggtcacgacg 360

tctaacgggg agacgaccgt atccaacaac ctcaccagca cggtccagat ctttgcggac 420

agcacgtacg agctcccgta cgtgatggat gcaggtcagg agggcagctt gcctcctttc 480

cccaacgacg tgttcatggt gcctcagtac gggtactgcg gactggtaac cggaggcagc 540

tctcaaaacc agacagacag aaatgccttc tactgtctgg agtactttcc cagccagatg 600

ctgagaaccg gaaacaactt tgagatggtg tacaagtttg aaaacgtgcc cttccactcc 660

atgtacgctc acagccagag cctggatagg ctgatgaacc cgctgctgga ccagtacctg 720

tgggagctcc agtctaccac ctctggagga actctcaacc agggcaattc agccaccaac 780

tttgccaagc tgaccaaaac aaacttttct ggctaccgca aaaactggct cccggggccc 840

atgatgaagc agcagagatt ctccaagact gccagtcaaa actacaagat tccccaggga 900

agaaacaaca gtctgctcca ttatgagacc agaactaccc tcgacggaag atggagcaat 960

tttgccccgg gaacggccat ggcaaccgca gccaacgacg ccaccgactt ctctcaggcc 1020

cagctcatct ttgcggggcc caacatcacc ggcaacacca ccacagatgc caataacctg 1080

atgttcactt cagaagatga acttagggcc accaaccccc gggacactga cctgtttggc 1140

cacctggcaa ccaaccagca aaacgccacc accgttccta ccgtagacga cgtggacgga 1200

gtcggcgtgt acccgggaat ggtgtggcag gacagagaca tttactacca agggcccatt 1260

tgggccaaaa ttccacacac ggatggacac tttcacccgt ctcctctcat tggcggattt 1320

ggactgaaaa gcccgcctcc acaaatattc atcaaaaaca ctcctgtacc cgccaatccc 1380

gcaacgacct tctctccggc cagaatcaac agcttcatca cccagtacag caccggacag 1440

gtggctgtca aaatagaatg ggaaatccag aaggagcggt ccaagagatg gaacccagag 1500

gtccagttca cgtccaacta cggagcacag gactcgcttc tctgggctcc cgacaacgcc 1560

ggagcctaca aagagcccag ggccattgga tcccgatacc tcaccaacca cctctag 1617

<210> 881

<211> 1173

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 881

atggcgctgg taagctggct ggtggaacat ggcatcactt ccgagaagca gtggattcag 60

gagaatcagg agagctacct gtccttcaac tccacgggaa actctcggag ccagattaaa 120

gccgcgcttg acaacgcgtc aaaaattatg agtctgacca aatctgcctc agactatctc 180

gtgggacaga ctgttccaga ggacatttct gaaaacagaa tctggcagat ttttgatctc 240

aacggctacg acccggcata cgcgggctct gttctctacg gctggtgcac tcgcgccttt 300

ggaaagagga acaccgtctg gctgtatgga cccgcgacca ccggaaagac caacatcgcg 360

gaagccatct ctcacaccgt gccctttat ggctgtgtga actggactaa tgagaacttt 420

ccctttaatg actgtgtgga aaaaatgttg atctggtggg aggagggaaa gatgaccagc 480

aaggtggtgg aacccgccaa ggccatcttg ggggggtcta gagtacgagt ggatcaaaaa 540

tgtaaatcct ctgtacaagt agactctacc ccggtgatta tcacctccaa tactaacatg 600

tgtgtggtgg tggatgggaa ctccacgacc tttgaacacc agcagccgct ggaagaccgc 660

atgttcagat ttgaactcat gcggcggctc ccgccagatt ttggcaagat taccaagcag 720

gaagtcaaag actttttgc ttgggcaaag gtcaaccagg tgccggtgac tcacgagttt 780

atggttccca agaaagtggc gggaactgag agggcggaga cttctagaaa acgcccactg 840

gatgacgtca ccaataccaa ctataaaagt ccggagaagc gggcccggct ctcagttgtt 900

cctgagacgc ctcgcagttc agacgtgcct gtagagcccg ctcctctgcg acctctcaac 960

tggtcttcca ggtatgaatg cagatgtgac tatcatgcta aatttgactc tgtaacgggg 1020

gaatgtgacg agtgtgaata tttgaatcgg ggcaaaaatg gctgtatctt tcataatgct 1080

acacattgtc aaatttgtca cgctgttcct ccatgggaaa aggaaaatgt gtcagatttt 1140

aatgattttg atgactgtaa taaagagcag taa 1173

<210> 882

<211> 1833

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 882

atggctacct tctatgaagt cattgttcgc gttccatttg atgtggaaga gcacctgcct 60

ggaatttctg acaactttgt agactgggta actggtcaaa tttgggagct gcctcccgag 120

tcagatttga atttgactct gattgagcag cctcagctga cggtggctga cagaattcgc 180

cgcgtgttcc tgtacgagtg gaacaaattt tccaagcagg agagcaaatt ctttgtgcag 240

tttgaaaagg gatctgaata ttttcatctg cacacgctcg tggagacctc cggcatctct 300

tctatggtcc ttggccgcta cgtgagtcag attcgcgccc agctggtgaa ggtggtgttc 360

cagaacattg agccgcggat taacgactgg gtcgccatca ccaaggtaaa gaagggcgga 420

gccaataagg tggtggattc tgggtatatt cccgcctacc tgctgccgaa ggtccaacca 480

gagcttcagt gggcgtggac taacctcgaa gagtataaat tggccgccct caatctggag 540

gagcgcaaac ggctcgtcgc tcagtttcag cttgagtcct cgcagcgctc gcaagaggca 600

tcttcccaga gggacgtttc ggctgacccg gtcatcaaga gcaagacttc ccagaaatac 660

atggcgctgg taagctggct ggtggaacat ggcatcactt ccgagaagca gtggattcag 720

gagaatcagg agagctacct gtccttcaac tccacgggaa actctcggag ccagattaaa 780

gccgcgcttg acaacgcgtc aaaaattatg agtctgacca aatctgcctc agactatctc 840

gtgggacaga ctgttccaga ggacatttct gaaaacagaa tctggcagat ttttgatctc 900

aacggctacg acccggcata cgcgggctct gttctctacg gctggtgcac tcgcgccttt 960

ggaaagagga acaccgtctg gctgtatgga cccgcgacca ccggaaagac caacatcgcg 1020

gaagccatct ctcacaccgt gccctttat ggctgtgtga actggactaa tgagaacttt 1080

ccctttaatg actgtgtgga aaaaatgttg atctggtggg aggagggaaa gatgaccagc 1140

aaggtggtgg aacccgccaa ggccatcttg ggggggtcta gagtacgagt ggatcaaaaa 1200

tgtaaatcct ctgtacaagt agactctacc ccggtgatta tcacctccaa tactaacatg 1260

tgtgtggtgg tggatgggaa ctccacgacc tttgaacacc agcagccgct ggaagaccgc 1320

atgttcagat ttgaactcat gcggcggctc ccgccagatt ttggcaagat taccaagcag 1380

gaagtcaaag actttttgc ttgggcaaag gtcaaccagg tgccggtgac tcacgagttt 1440

atggttccca agaaagtggc gggaactgag agggcggaga cttctagaaa acgcccactg 1500

gatgacgtca ccaataccaa ctataaaagt ccggagaagc gggcccggct ctcagttgtt 1560

cctgagacgc ctcgcagttc agacgtgcct gtagagcccg ctcctctgcg acctctcaac 1620

tggtcttcca ggtatgaatg cagatgtgac tatcatgcta aatttgactc tgtaacgggg 1680

gaatgtgacg agtgtgaata tttgaatcgg ggcaaaaatg gctgtatctt tcataatgct 1740

acacattgtc aaatttgtca cgctgttcct ccatgggaaa aggaaaatgt gtcagatttt 1800

aatgattttg atgactgtaa taaagagcag taa 1833

<210> 883

<211> 2211

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 883

atgtcttttg ttgaccaccc tccagattgg ttggaatcga tcggcgacgg ctttcgtgaa 60

tttctcggcc ttgaggcggg tcccccgaaa cccaaggcca atcaacagaa gcaagataac 120

gctcgaggtc ttgtgcttcc tgggtacaag tatcttggtc ctgggaacgg ccttgataag 180

ggcgatcctg tcaattttgc tgacgaggtt gcccgagagc acgacctctc ctaccagaaa 240

cagcttgagg cgggcgataa cccttacctc aagtacaacc acgcggacgc agagtttcag 300

gagaaactcg cttctgacac ttcttttggg ggaaaccttg ggaaggctgt tttccaggct 360

aaaaagagga ttctcgaacc tcttggcctg gttgagacgc cggataaaac ggcgcctgcg 420

gcaaaaaaga ggcctctaga gcagagtcct caagagccag actcctcgag cggagttggc 480

aagaaaggca aacagcctgc cagaaagaga ctcaactttg acgacgaacc tggagccgga 540

gacgggcctc ccccagaagg accatcttcc ggagctatgt ctactgagac tgaaatgcgt 600

gcagcagctg gcggaaatgg tggcgatgcg ggacaaggtg ccgagggagt gggtaatgcc 660

tccggtgatt ggcattgcga ttccacttgg tcagagagcc acgtcaccac cacctcaacc 720

cgcacctggg tcctgccgac ctacaacaac cacctgtacc tgcggctcgg ctcgagcaac 780

gccagcgaca ccttcaacgg attctccacc ccctggggat actttgactt taaccgcttc 840

cactgccact tctcgccaag agactggcaa aggctcatca acaaccactg gggactgcgc 900

cccaaaagca tgcaagtccg catcttcaac atccaagtta aggaggtcac gacgtctaac 960

ggggagacga ccgtatccaa caacctcacc agcacggtcc agatctttgc ggacagcacg 1020

tacgagctcc cgtacgtgat ggatgcaggt caggagggca gcttgcctcc tttccccaac 1080

gacgtgttca tggtgcctca gtacgggtac tgcggactgg taaccggagg cagctctcaa 1140

aaccagacag acagaaatgc cttctactgt ctggagtact ttcccagcca gatgctgaga 1200

accggaaaca actttgagat ggtgtacaag tttgaaaacg tgcccttcca ctccatgtac 1260

gctcacagcc agagcctgga taggctgatg aacccgctgc tggaccagta cctgtgggag 1320

ctccagtcta ccacctctgg aggaactctc aaccagggca attcagccac caactttgcc 1380

aagctgacca aaacaaactt ttctggctac cgcaaaaact ggctcccggg gcccatgatg 1440

aagcagcaga gattctccaa gactgccagt caaaactaca agattcccca gggaagaaac 1500

aacagtctgc tccattatga gaccagaact accctcgacg gaagatggag caattttgcc 1560

ccgggaacgg ccatggcaac cgcagccaac gacgccaccg acttctctca ggcccagctc 1620

atctttgcgg ggcccaacat caccggcaac accaccacag atgccaataa cctgatgttc 1680

acttcagaag atgaacttag ggccaccaac ccccgggaca ctgacctgtt tggccacctg 1740

gcaaccaacc agcaaaacgc caccaccgtt cctaccgtag acgacgtgga cggagtcggc 1800

gtgtacccgg gaatggtgtg gcaggacaga gacatttact accaagggcc catttgggcc 1860

aaaattccac acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcattggcgg atttggactg 1920

aaaagcccgc ctccacaaat attcatcaaa aacactcctg tacccgccaa tcccgcaacg 1980

accttctctc cggccagaat caacagcttc atcacccagt acagcaccgg acaggtggct 2040

gtcaaaatag aatgggaaat ccagaaggag cggtccaaga gatggaaccc agaggtccag 2100

ttcacgtcca actacggagc acaggactcg cttctctggg ctcccgacaa cgccggagcc 2160

tacaaagagc ccagggccat tggatcccga tacctcacca accacctcta g 2211

<210> 884

<211> 4694

<212> DNA

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 884

gtggcactcc ccccccctgtc gcgttcgctc gttcgctggc tcgattgggg gggtggcagc 60

tcaaagagct gccagacgac ggccctctgg gccgtcgccc ccccaatcga gccagcgaac 120

gagcgaacgc gacaggggggg ggagtgccac actctctagc aaggggggttt tgtaggtggt 180

gatgtcattg ttgatgtcat tatagttgtc acgcgatagt taatgattaa cagtcatgtg 240

atgtgtgtta tccaatagga tgaaagcgcg cgaatgagat ctcgcgagac ttccggggta 300

taaaaggggt gagtgaacga gcccgccgcc attctctgct ctggactgct agaggaccct 360

cgctgccatg gctaccttct atgaagtcat tgttcgcgtt ccatttgatg tggaagagca 420

cctgcctgga atttctgaca actttgtaga ctgggtaact ggtcaaattt gggagctgcc 480

tcccgagtca gatttgaatt tgactctgat tgagcagcct cagctgacgg tggctgacag 540

aattcgccgc gtgttcctgt acgagtggaa caaattttcc aagcaggaga gcaaattctt 600

tgtgcagttt gaaaagggat ctgaatattt tcatctgcac acgctcgtgg agacctccgg 660

catctcttct atggtccttg gccgctacgt gagtcagatt cgcgcccagc tggtgaaggt 720

ggtgttccag aacattgagc cgcggattaa cgactgggtc gccatcacca aggtaaagaa 780

gggcggagcc aataaggtgg tggattctgg gtatattccc gcctacctgc tgccgaaggt 840

ccaaccagag cttcagtggg cgtggactaa cctcgaagag tataaattgg ccgccctcaa 900

tctggaggag cgcaaacggc tcgtcgctca gtttcagctt gagtcctcgc agcgctcgca 960

agaggcatct tcccagaggg acgtttcggc tgacccggtc atcaagagca agacttccca 1020

gaaatacatg gcgctggtaa gctggctggt ggaacatggc atcacttccg agaagcagtg 1080

gattcaggag aatcaggaga gctacctgtc cttcaactcc acgggaaact ctcggagcca 1140

gattaaagcc gcgcttgaca acgcgtcaaa aattatgagt ctgaccaaat ctgcctcaga 1200

ctatctcgtg ggacagactg ttccagagga catttctgaa aacagaatct ggcagatttt 1260

tgatctcaac ggctacgacc cggcatacgc gggctctgtt ctctacggct ggtgcactcg 1320

cgcctttgga aagaggaaca ccgtctggct gtatggaccc gcgaccaccg gaaagaccaa 1380

catcgcggaa gccatctctc acaccgtgcc cttttatggc tgtgtgaact ggactaatga 1440

gaactttccc tttaatgact gtgtggaaaa aatgttgatc tggtgggagg agggaaagat 1500

gaccagcaag gtggtggaac ccgccaaggc catcttgggg gggtctagag tacgagtgga 1560

tcaaaaatgt aaatcctctg tacaagtaga ctctaccccg gtgattatca cctccaatac 1620

taacatgtgt gtggtggtgg atgggaactc cacgaccttt gaacaccagc agccgctgga 1680

agaccgcatg ttcagatttg aactcatgcg gcggctcccg ccagattttg gcaagattac 1740

caagcaggaa gtcaaagact tttttgcttg ggcaaaggtc aaccaggtgc cggtgactca 1800

cgagtttatg gttcccaaga aagtggcggg aactgagagg gcggagactt ctagaaaacg 1860

cccactggat gacgtcacca ataccaacta taaaagtccg gagaagcggg cccggctctc 1920

agttgttcct gagacgcctc gcagttcaga cgtgcctgta gagcccgctc ctctgcgacc 1980

tctcaactgg tcttccaggt atgaatgcag atgtgactat catgctaaat ttgactctgt 2040

aacgggggaa tgtgacgagt gtgaatattt gaatcggggc aaaaatggct gtatctttca 2100
taatgctaca cattgtcaaa tttgtcacgc tgttcctcca tgggaaaagg aaaatgtgtc 2160
agattttaat gattttgatg actgtaataa agagcagtaa ataaagtgag tagtcatgtc 2220
ttttgttgac caccctccag attggttgga atcgatcggc gacggctttc gtgaatttct 2280
cggccttgag gcgggtcccc cgaaacccaa ggccaatcaa cagaagcaag ataacgctcg 2340
aggtcttgtg cttcctgggt acaagtatct tggtcctggg aacggccttg ataagggcga 2400
tcctgtcaat tttgctgacg aggttgcccg agagcacgac ctctcctacc agaaacagct 2460

tgaggcgggc gataaccctt acctcaagta caaccacgcg gacgcagagt ttcaggagaa 2520
actcgcttct gacacttctt ttgggggaaa ccttgggaag gctgttttcc aggctaaaaa 2580
gaggattctc gaacctcttg gcctggttga gacgccggat aaaacggcgc ctgcggcaaa 2640
aaagaggcct ctagagcaga gtcctcaaga gccagactcc tcgagcggag ttggcaagaa 2700
aggcaaacag cctgccagaa agagactcaa ctttgacgac gaacctggag ccggagacgg 2760
gcctccccca gaaggaccat cttccggagc tatgtctact gagactgaaa tgcgtgcagc 2820
agctggcgga aatggtggcg atgcgggaca aggtgccgag ggagtgggta atgcctccgg 2880

tgattggcat tgcgattcca cttggtcaga gagccacgtc accaccacct caacccgcac 2940
ctgggtcctg ccgacctaca acaaccacct gtacctgcgg ctcggctcga gcaacgccag 3000
cgacaccttc aacggattct ccacccccctg gggatacttt gactttaacc gcttccactg 3060
ccacttctcg ccaagagact ggcaaaggct catcaacaac cactggggac tgcgccccaa 3120
aagcatgcaa gtccgcatct tcaacatcca agttaaggag gtcacgacgt ctaacgggga 3180
gacgaccgta tccaacaacc tcaccagcac ggtccagatc tttgcggaca gcacgtacga 3240
gctcccgtac gtgatggatg caggtcagga gggcagcttg cctcctttcc ccaacgacgt 3300

gttcatggtg cctcagtacg ggtactgcgg actggtaacc ggaggcagct ctcaaaacca 3360
gacagacaga aatgccttct actgtctgga gtactttccc agccagatgc tgagaaccgg 3420
aaacaacttt gagatggtgt acaagtttga aaacgtgccc ttccactcca tgtacgctca 3480
cagccagagc ctggataggc tgatgaaccc gctgctggac cagtacctgt gggagctcca 3540
gtctaccacc tctggaggaa ctctcaacca gggcaattca gccaccaact ttgccaagct 3600
gaccaaaaca aacttttctg gctaccgcaa aaactggctc ccggggccca tgatgaagca 3660
gcagagattc tccaagactg ccagtcaaaa ctacaagatt ccccagggaa gaaacaacag 3720

tctgctccat tatgagacca gaactaccct cgacggaaga tggagcaatt ttgccccggg 3780

aacggccatg gcaaccgcag ccaacgacgc caccgacttc tctcaggccc agctcatctt 3840

tgcggggccc aacatcaccg gcaacaccac cacagatgcc aataacctga tgttcacttc 3900

agaagatgaa cttagggcca ccaacccccg ggacactgac ctgtttggcc acctggcaac 3960

caaccagcaa aacgccacca ccgttcctac cgtagacgac gtggacggag tcggcgtgta 4020

cccgggaatg gtgtggcagg acagagacat ttactaccaa gggcccattt gggccaaaat 4080

tccacacacg gatggacact ttcacccgtc tcctctcatt ggcggatttg gactgaaaag 4140

cccgcctcca caaatattca tcaaaaacac tcctgtaccc gccaatcccg caacgacctt 4200

ctctccggcc agaatcaaca gcttcatcac ccagtacagc accggacagg tggctgtcaa 4260

aatagaatgg gaaatccaga aggagcggtc caagagatgg aacccagagg tccagttcac 4320

gtccaactac ggagcacagg actcgcttct ctgggctccc gacaacgccg gagcctacaa 4380

agagcccagg gccattggat cccgatacct caccaaccac ctctagccca attctgttgc 4440

ataccctcaa taaaccgtgt attcgtttca gtaaaatact gcctcttgtg gtcattcggc 4500

gtacaacagc ttacaacaac aacaaaaccc ccttgctaga gagtgtggca ctccccccc 4560

tgtcgcgttc gctcgttcgc tggctcgatt gggggggtgg cagctcaaag agctgccaga 4620

cgacggccct ctgggccgtc gccccccaa tcgagccagc gaacgagcga acgcgacagg 4680

gggggagtg ccac 4694

<210> 885

<211> 390

<212> PRT

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 885

Met Ala Leu Val Ser Trp Leu Val Glu His Gly Ile Thr Ser Glu Lys

1 5 10 15

Gln Trp Ile Gln Glu Asn Gln Glu Ser Tyr Leu Ser Phe Asn Ser Thr

20 25 30

Gly Asn Ser Arg Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys

35 40 45

Ile Met Ser Leu Thr Lys Ser Ala Ser Asp Tyr Leu Val Gly Gln Thr

50 55 60

Val Pro Glu Asp Ile Ser Glu Asn Arg Ile Trp Gln Ile Phe Asp Leu

65 70 75 80

Asn Gly Tyr Asp Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Leu Tyr Gly Trp Cys

85 90 95

Thr Arg Ala Phe Gly Lys Arg Asn Thr Val Trp Leu Tyr Gly Pro Ala

100 105 110

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ser His Thr Val Pro

115 120 125

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

130 135 140

Cys Val Glu Lys Met Leu Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ser

145 150 155 160

Lys Val Val Glu Pro Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg Val Arg

165 170 175

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ser Ser Val Gln Val Asp Ser Thr Pro Val

180 185 190

Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Val Val Val Asp Gly Asn Ser

195 200 205

Thr Thr Phe Glu His Gln Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe Arg Phe

210 215 220

Glu Leu Met Arg Arg Leu Pro Pro Asp Phe Gly Lys Ile Thr Lys Gln

225 230 235 240

Glu Val Lys Asp Phe Phe Ala Trp Ala Lys Val Asn Gln Val Pro Val

245 250 255

Thr His Glu Phe Met Val Pro Lys Lys Val Ala Gly Thr Glu Arg Ala

260 265 270

Glu Thr Ser Arg Lys Arg Pro Leu Asp Asp Val Thr Asn Thr Asn Tyr

275 280 285

Lys Ser Pro Glu Lys Arg Ala Arg Leu Ser Val Val Pro Glu Thr Pro

290 295 300

Arg Ser Ser Asp Val Pro Val Glu Pro Ala Pro Leu Arg Pro Leu Asn

305 310 315 320

Trp Ser Ser Arg Tyr Glu Cys Arg Cys Asp Tyr His Ala Lys Phe Asp

325 330 335

Ser Val Thr Gly Glu Cys Asp Glu Cys Glu Tyr Leu Asn Arg Gly Lys

340 345 350

Asn Gly Cys Ile Phe His Asn Ala Thr His Cys Gln Ile Cys His Ala

355 360 365

Val Pro Pro Trp Glu Lys Glu Asn Val Ser Asp Phe Asn Asp Phe Asp

370 375 380

Asp Cys Asn Lys Glu Gln

385 390

<210> 886

<211> 610

<212> PRT

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 886

Met Ala Thr Phe Tyr Glu Val Ile Val Arg Val Pro Phe Asp Val Glu

1 5 10 15

Glu His Leu Pro Gly Ile Ser Asp Asn Phe Val Asp Trp Val Thr Gly

20 25 30

Gln Ile Trp Glu Leu Pro Pro Glu Ser Asp Leu Asn Leu Thr Leu Ile

35 40 45

Glu Gln Pro Gln Leu Thr Val Ala Asp Arg Ile Arg Arg Val Phe Leu

50 55 60

Tyr Glu Trp Asn Lys Phe Ser Lys Gln Glu Ser Lys Phe Phe Val Gln

65 70 75 80

Phe Glu Lys Gly Ser Glu Tyr Phe His Leu His Thr Leu Val Glu Thr

85 90 95

Ser Gly Ile Ser Ser Met Val Leu Gly Arg Tyr Val Ser Gln Ile Arg

100 105 110

Ala Gln Leu Val Lys Val Val Phe Gln Asn Ile Glu Pro Arg Ile Asn

115 120 125

Asp Trp Val Ala Ile Thr Lys Val Lys Lys Gly Gly Ala Asn Lys Val

130 135 140

Val Asp Ser Gly Tyr Ile Pro Ala Tyr Leu Leu Pro Lys Val Gln Pro

145 150 155 160

Glu Leu Gln Trp Ala Trp Thr Asn Leu Glu Glu Tyr Lys Leu Ala Ala

165 170 175

Leu Asn Leu Glu Glu Arg Lys Arg Leu Val Ala Gln Phe Gln Leu Glu

180 185 190

Ser Ser Gln Arg Ser Gln Glu Ala Ser Ser Gln Arg Asp Val Ser Ala

195 200 205

Asp Pro Val Ile Lys Ser Lys Thr Ser Gln Lys Tyr Met Ala Leu Val

210 215 220

Ser Trp Leu Val Glu His Gly Ile Thr Ser Glu Lys Gln Trp Ile Gln

225 230 235 240

Glu Asn Gln Glu Ser Tyr Leu Ser Phe Asn Ser Thr Gly Asn Ser Arg

245 250 255

Ser Gln Ile Lys Ala Ala Leu Asp Asn Ala Ser Lys Ile Met Ser Leu

260 265 270

Thr Lys Ser Ala Ser Asp Tyr Leu Val Gly Gln Thr Val Pro Glu Asp

275 280 285

Ile Ser Glu Asn Arg Ile Trp Gln Ile Phe Asp Leu Asn Gly Tyr Asp

290 295 300

Pro Ala Tyr Ala Gly Ser Val Leu Tyr Gly Trp Cys Thr Arg Ala Phe

305 310 315 320

Gly Lys Arg Asn Thr Val Trp Leu Tyr Gly Pro Ala Thr Thr Gly Lys

325 330 335

Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ser His Thr Val Pro Phe Tyr Gly Cys

340 345 350

Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp Cys Val Glu Lys

355 360 365

Met Leu Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ser Lys Val Val Glu

370 375 380

Pro Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg Val Arg Val Asp Gln Lys

385 390 395 400

Cys Lys Ser Ser Val Gln Val Asp Ser Thr Pro Val Ile Ile Thr Ser

405 410 415

Asn Thr Asn Met Cys Val Val Val Asp Gly Asn Ser Thr Thr Phe Glu

420 425 430

His Gln Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe Arg Phe Glu Leu Met Arg

435 440 445

Arg Leu Pro Pro Asp Phe Gly Lys Ile Thr Lys Gln Glu Val Lys Asp

450 455 460

Phe Phe Ala Trp Ala Lys Val Asn Gln Val Pro Val Thr His Glu Phe

465 470 475 480

Met Val Pro Lys Lys Val Ala Gly Thr Glu Arg Ala Glu Thr Ser Arg

485 490 495

Lys Arg Pro Leu Asp Asp Val Thr Asn Thr Asn Tyr Lys Ser Pro Glu

500 505 510

Lys Arg Ala Arg Leu Ser Val Val Pro Glu Thr Pro Arg Ser Ser Asp

515 520 525

Val Pro Val Glu Pro Ala Pro Leu Arg Pro Leu Asn Trp Ser Ser Arg

530 535 540

Tyr Glu Cys Arg Cys Asp Tyr His Ala Lys Phe Asp Ser Val Thr Gly

545 550 555 560

Glu Cys Asp Glu Cys Glu Tyr Leu Asn Arg Gly Lys Asn Gly Cys Ile

565 570 575

Phe His Asn Ala Thr His Cys Gln Ile Cys His Ala Val Pro Pro Trp

580 585 590

Glu Lys Glu Asn Val Ser Asp Phe Asn Asp Phe Asp Asp Cys Asn Lys

595 600 605

Glu Gln

610

<210> 887

<211> 538

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 887

Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala
1 5 10 15

Glu Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
20 25 30

Ser Glu Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
35 40 45

Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Ser Ser Asn Ala Ser
50 55 60

Asp Thr Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn
65 70 75 80

Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn
85 90 95

Asn His Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met Gln Val Arg Ile Phe Asn
100 105 110

Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu Thr Thr Val Ser
115 120 125

Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp Ser Thr Tyr Glu
130 135 140

Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe
145 150 155 160

Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Leu Val
165 170 175

Thr Gly Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala Phe Tyr Cys
180 185 190

Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu
195 200 205

Met Val Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Met Tyr Ala His

210 215 220

Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp Gln Tyr Leu

225 230 235 240

Trp Glu Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly Thr Leu Asn Gln Gly Asn

245 250 255

Ser Ala Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Lys Thr Asn Phe Ser Gly Tyr

260 265 270

Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met Lys Gln Gln Arg Phe Ser

275 280 285

Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Gln Gly Arg Asn Asn Ser

290 295 300

Leu Leu His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu Asp Gly Arg Trp Ser Asn

305 310 315 320

Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala Ala Asn Asp Ala Thr Asp

325 330 335

Phe Ser Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Asn Ile Thr Gly Asn

340 345 350

Thr Thr Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe Thr Ser Glu Asp Glu Leu

355 360 365

Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu Phe Gly His Leu Ala Thr

370 375 380

Asn Gln Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr Val Asp Asp Val Asp Gly

385 390 395 400

Val Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr

405 410 415

Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His

420 425 430

Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys Ser Pro Pro Pro Gln

435 440 445

Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe

450 455 460

Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln

465 470 475 480

Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg

485 490 495

Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Ala Gln Asp Ser

500 505 510

Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala Tyr Lys Glu Pro Arg Ala

515 520 525

Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

530 535

<210> 888

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 888

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Ser Ile Gly Asp

1 5 10 15

Gly Phe Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Asp Pro Val

50 55 60

Asn Phe Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Leu Ser Tyr Gln Lys

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Ser Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Thr Pro Asp Lys Thr Ala Pro Ala Ala Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Asp Asp Glu
165 170 175

Pro Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Pro Glu Gly Pro Ser Ser Gly Ala
180 185 190
Met Ser Thr Glu Thr Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly
195 200 205
Asp Ala Gly Gln Gly Ala Glu Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240

Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu
245 250 255
Gly Ser Ser Asn Ala Ser Asp Thr Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp
260 265 270
Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp
275 280 285
Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn His Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met
290 295 300

Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn
305 310 315 320
Gly Glu Thr Thr Val Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val His Ile Phe
325 330 335
Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu
340 345 350

Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr
355 360 365

Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp
370 375 380
Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Met Val Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430

Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp Glu Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly
435 440 445
Thr Leu Asn Gln Gly Asn Ser Ala Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Asn
450 455 460
Lys Asn Phe Ser Gly Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met
465 470 475 480
Lys Gln Gln Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro
485 490 495

Gln Gly Gly Asn Asn Ser Leu Leu His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu
500 505 510
Asp Arg Arg Trp Ser Asn Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala
515 520 525
Ala Asn Asp Ala Thr Asp Phe Ser Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly
530 535 540
Pro Asn Ile Thr Gly Asn Thr Thr Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe
545 550 555 560

Thr Ser Glu Asp Glu Leu Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu
565 570 575
Phe Gly His Leu Ala Thr Asn Gln Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr
580 585 590
Val Asp Asp Val Asp Gly Val Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Ser Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln

675 680 685

Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Gly Ala Gln Asp Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala

705 710 715 720

Tyr Lys Glu Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730 735

<210> 889

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 889

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Ser Ile Gly Asp

1 5 10 15

Gly Phe Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Asp Pro Val

50 55 60

Asn Phe Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Leu Ser Tyr Gln Lys
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Ser Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Thr Pro Asp Lys Thr Ala Pro Ala Ala Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Asp Asp Glu
165 170 175
Pro Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Pro Glu Gly Pro Ser Ser Gly Ala
180 185 190

Met Ser Thr Glu Thr Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly
195 200 205
Asp Ala Gly Gln Gly Ala Glu Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp
210 215 220
His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr
225 230 235 240
Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu
245 250 255

Gly Ser Ser Asn Ala Ser Asp Thr Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp
260 265 270
Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp
275 280 285
Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn His Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met
290 295 300

Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn
305 310 315 320

Gly Glu Thr Thr Val Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe
325 330 335
Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu
340 345 350
Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr
355 360 365
Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp
370 375 380

Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg
385 390 395 400
Thr Gly Asn Asn Phe Glu Met Val Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp Glu Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly
435 440 445

Thr Leu Asn Gln Gly Asn Ser Ala Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Lys
450 455 460
Thr Asn Phe Ser Gly Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met
465 470 475 480
Lys Gln Gln Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro
485 490 495
Gln Gly Arg Asn Asn Ser Leu Leu His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu
500 505 510

Asp Gly Arg Trp Ser Asn Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala
515 520 525
Ala Asn Asp Ala Thr Asp Phe Ser Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly
530 535 540
Pro Asn Ile Thr Gly Asn Thr Thr Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe

545 550 555 560

Thr Ser Glu Asp Glu Leu Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu

565 570 575

Phe Gly His Leu Ala Thr Asn Gln Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr

580 585 590

Val Asp Asp Val Asp Gly Val Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Ser Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln

675 680 685

Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Gly Ala Gln Asp Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala

705 710 715 720

Tyr Lys Glu Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730 735

<210> 890

<211> 736

<212> PRT

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 890

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Ser Ile Gly Asp

1 5 10 15

Gly Phe Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Asp Pro Val

50 55 60

Asn Phe Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Leu Ser Tyr Gln Lys

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Ser Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Thr Pro Asp Lys Thr Ala Pro Ala Ala Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Asp Asp Glu

165 170 175

Pro Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Pro Glu Gly Pro Ser Ser Gly Ala

180 185 190

Met Ser Thr Glu Thr Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly

195 200 205

Asp Ala Gly Gln Gly Ala Glu Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp

210 215 220

His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr

225 230 235 240

Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu

245 250 255

Gly Ser Ser Asn Ala Ser Asp Thr Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp

260 265 270

Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp

275 280 285

Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn His Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met

290 295 300

Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn

305 310 315 320

Gly Glu Thr Thr Val Ser Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe

325 330 335

Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu

340 345 350

Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr

355 360 365

Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp

370 375 380

Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg

385 390 395 400

Thr Gly Asn Asn Phe Glu Met Val Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe

405 410 415

His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro

420 425 430

Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp Glu Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly

435 440 445

Thr Leu Asn Gln Gly Asn Ser Ala Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Lys

450 455 460

Thr Asn Phe Ser Gly Tyr Arg Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met

465 470 475 480

Lys Gln Gln Arg Phe Ser Lys Thr Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro

485 490 495

Gln Gly Arg Asn Asn Ser Leu Leu His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu

500 505 510

Asp Gly Arg Trp Ser Asn Phe Ala Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala

515 520 525

Ala Asn Asp Ala Thr Asp Phe Ser Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly

530 535 540

Pro Asn Ile Thr Gly Asn Thr Thr Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe

545 550 555 560

Thr Ser Glu Asp Glu Leu Arg Ala Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu

565 570 575

Phe Gly His Leu Ala Thr Asn Gln Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr

580 585 590

Val Asp Asp Val Asp Gly Val Gly Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Ser Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Pro Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln

675 680 685

Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Gly Ala Gln Asp Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala

705 710 715 720

Tyr Lys Glu Pro Arg Ala Ile Gly Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu

725 730 735

<210> 891

<211> 600

<212> PRT

<213> Bovine adeno-associated virus

<400> 891

Thr Ala Pro Ala Ala Lys Lys Arg Pro Leu Glu Gln Ser Pro Gln Glu
1 5 10 15

Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Arg
20 25 30

Lys Arg Leu Asn Phe Asp Asp Glu Pro Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro
35 40 45

Pro Glu Gly Pro Ser Ser Gly Ala Met Ser Thr Glu Thr Glu Met Arg
50 55 60

Ala Ala Ala Gly Gly Asn Gly Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala Glu Gly
65 70 75 80

Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Ser Glu
85 90 95

Ser His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Thr Tyr
100 105 110

Asn Asn His Leu Tyr Leu Arg Leu Gly Ser Ser Asn Ala Ser Asp Thr
115 120 125

Phe Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
130 135 140

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn His
145 150 155 160

Trp Gly Leu Arg Pro Lys Ser Met Gln Val Arg Ile Phe Asn Ile Gln
165 170 175

Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu Thr Thr Val Ser Asn Asn
180 185 190

Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp Ser Thr Tyr Glu Leu Pro
195 200 205

Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser Leu Pro Pro Phe Pro Asn
210 215 220

Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Gly Leu Val Thr Gly
225 230 235 240

Gly Ser Ser Gln Asn Gln Thr Asp Arg Asn Ala Phe Tyr Cys Leu Glu
245 250 255
Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Met Val
260 265 270
Tyr Lys Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Met Tyr Ala His Ser Gln
275 280 285
Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Leu Asp Gln Tyr Leu Trp Glu
290 295 300

Leu Gln Ser Thr Thr Ser Gly Gly Thr Leu Asn Gln Gly Asn Ser Ala
305 310 315 320
Thr Asn Phe Ala Lys Leu Thr Lys Thr Asn Phe Ser Gly Tyr Arg Lys
325 330 335
Asn Trp Leu Pro Gly Pro Met Met Lys Gln Gln Arg Phe Ser Lys Thr
340 345 350
Ala Ser Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Gln Gly Arg Asn Asn Ser Leu Leu
355 360 365

His Tyr Glu Thr Arg Thr Thr Leu Asp Gly Arg Trp Ser Asn Phe Ala
370 375 380
Pro Gly Thr Ala Met Ala Thr Ala Ala Asn Asp Ala Thr Asp Phe Ser
385 390 395 400
Gln Ala Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Asn Ile Thr Gly Asn Thr Thr
405 410 415
Thr Asp Ala Asn Asn Leu Met Phe Thr Ser Glu Asp Glu Leu Arg Ala
420 425 430

Thr Asn Pro Arg Asp Thr Asp Leu Phe Gly His Leu Ala Thr Asn Gln
435 440 445
Gln Asn Ala Thr Thr Val Pro Thr Val Asp Asp Val Asp Gly Val Gly
450 455 460
Val Tyr Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly
465 470 475 480
Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser

485 490 495

Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys Ser Pro Pro Pro Gln Ile Phe
500 505 510
Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ala Thr Thr Phe Ser Pro
515 520 525
Ala Arg Ile Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala
530 535 540
Val Lys Ile Glu Trp Glu Ile Gln Lys Glu Arg Ser Lys Arg Trp Asn
545 550 555 560

Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly Ala Gln Asp Ser Leu Leu
565 570 575
Trp Ala Pro Asp Asn Ala Gly Ala Tyr Lys Glu Pro Arg Ala Ile Gly
580 585 590
Ser Arg Tyr Leu Thr Asn His Leu
595 600

<210> 892
<211> 2214
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 892
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120
gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240
cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300
caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacggga catcgggagg agccaccaac gacaacacct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgactttaa cagattccac tgccactttt caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggccc aagagactca gcttcaagct cttcaacatc 960

caggtcaagg aggtcacgca gaatgaaggc accaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcggagtac cagctgccgt acgttctcgg ctctgcccac 1080

cagggctgcc tgcctccgtt cccggcggac gtgttcatga ttccccagta cggctaccta 1140

acactcaaca acggtagtca ggccgtggga cgctcctcct tctactgcct ggaatacttt 1200

ccttcgcaga tgctgagaac cggcaacaac ttccagttta cttacacctt cgaggacgtg 1260

cctttccaca gcagctacgc ccacagccag agcttggacc ggctgatgaa tcctctgatt 1320

gaccagtacc tgtactactt gtctcggact caaacaacag gaggcacggc aaatacgcag 1380

actctgggct tcagccaagg tgggcctaat acaatggcca atcaggcaaa gaactggctg 1440

ccaggaccct gttaccgcca acaacgcgtc tcaacgacaa ccgggcaaaa caacaatagc 1500

aactttgcct ggactgctgg gaccaaatac catctgaatg gaagaaattc attggctaat 1560

cctggcatcg ctatggcaac acacaaagac gacaaggagc gttttttcc cagtaacggg 1620

atcctgattt ttggcaaaca aaatgctgcc agagacaatg cggattacag cgatgtcatg 1680

ctcaccagcg aggaagaaat caaaaccact aaccctgtgg ctacagagga atacggtatc 1740

gtggcagata acttgcagca gcaaaacacg gctcctcaaa ttggaactgt caacagccag 1800

ggggccttac ccggtatggt ttggcagaac cgggacgtgt acctgcaggg tcccatctgg 1860

gccaagattc ctcacacgga cggcaacttc cacccgtctc cgctgatggg cggctttggc 1920

ctgaaacatc ctccgcctca gatcctgatc aagaacacgc ctgtacctgc ggatcctccg 1980

accaccttca accagtcaaa gctgaactct ttcatcacgc aatacagcac cggacaggtc 2040

agcgtggaaa ttgaatggga gctgcagaag gaaaacagca agcgctggaa ccccgagatc 2100

cagtacacct ccaactacta caaatctaca agtgtggact ttgctgttaa tacagaaggc 2160

gtgtactctg aaccccaccc cattggcacc cgttacctca cccgtcccct gtaa 2214

<210> 893

<211> 737

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 893

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Gly Thr Ser Gly Gly Ala Thr Asn Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Gln Asn Glu Gly Thr Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr

405 410 415

Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe

450 455 460

Ser Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu

465 470 475 480

Pro Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln

485 490 495

Asn Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu

500 505 510

Asn Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His

515 520 525

Lys Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe

530 535 540

Gly Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met

545 550 555 560

Leu Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu

565 570 575

Glu Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro

580 585 590

Gln Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp

595 600 605

Gln Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro

610 615 620

His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly

625 630 635 640

Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro

645 650 655

Ala Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile

660 665 670

Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu

675 680 685

Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser

690 695 700

Asn Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly

705 710 715 720

Val Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro
725 730 735
Leu

<210> 894
<211> 736
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 894
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Thr Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460

Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560

Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590

Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 895

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 895

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Glu Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg
435 440 445

Thr Gln Thr Thr Gly Gly Thr Ala Asn Thr Gln Thr Leu Gly Phe Ser
450 455 460
Gln Gly Gly Pro Asn Thr Met Ala Asn Gln Ala Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Thr Gly Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Ala Trp Thr Ala Gly Thr Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Ala Asn Pro Gly Ile Ala Met Ala Thr His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Glu Arg Phe Phe Pro Ser Asn Gly Ile Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Asn Ala Ala Arg Asp Asn Ala Asp Tyr Ser Asp Val Met Leu
545 550 555 560
Thr Ser Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Glu
565 570 575

Tyr Gly Ile Val Ala Asp Asn Leu Gln Gln Gln Asn Thr Ala Pro Gln
580 585 590
Ile Gly Thr Val Asn Ser Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asn Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Thr Phe Asn Gln Ser Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Thr Ser Val Asp Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 896

<211> 2181

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 896

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcacaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgcacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact attggggctt cagaccccgg 900

tctctcagag tcaaaatctt caacatccaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccaa 1020

ctcccgtacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc cccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ctacgcgacg ctgaaccgag acaacggaga caacccgaca 1140

gagcggagca gcttcttttg cctagagtac tttcccagca agatgctgag gacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacag ctttgaagag gtgcccttcc actgcagctt cgccccgagc 1260

cagaacctct ttaagctggc caacccgctg gtggaccagt acctgtaccg cttcgtgagc 1320

acctcggcca cgggcgccat ccagttccaa aagaacctgg cgggcagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacac gagctctggg 1440

gtcagcagca ccaacagagt cagcgtcaac aacttttccg tctcaaaccg gatgaacctg 1500

gaggggggca gctaccaagt gaacccccag cccaacggga tgacaaacac gctccaaggc 1560

agcaaccgct acgcgctgga aaacaccatg atcttcaacg ctcaaaacgc cacgccggga 1620

actacctcgg tgtacccaga ggacaatcta ctgctgacca gcgagagcga gactcagccc 1680

gtcaaccggg tggcttacaa cacgggcggt cagatggcca ccaacgccca gaacgccacc 1740

acggctccca cggtcgggac ctacaacctc caggaagtgc ttcctggcag cgtatggatg 1800

gagagggacg tgtacctcca aggacccatc tgggccaaga tcccagagac gggggcgcac 1860

tttcacccct ctccggccat gggcggattc ggactcaaac acccgccgcc catgatgctc 1920

atcaaaaaca cgccggtgcc cggcaacatc accagcttct cggacgtgcc cgtcagcagc 1980

ttcatcaccc agtacagcac cgggcaggtc accgtggaga tggaatggga gctcaaaaag 2040

gaaaactcca agaggtggaa cccagagatc cagtacacca acaactacaa cgacccccag 2100

tttgtggact ttgctccaga cggctccggc gaatacagaa ccaccagagc catcggaacc 2160

cgatacctca cccgacccct t 2181

<210> 897

<211> 726

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 897

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Gly Asp Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Ser Phe Glu Glu Val Pro Phe His Cys Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Ser Ala Thr Gly Ala Ile Gln
435 440 445

Phe Gln Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Thr Ser Ser Gly

465 470 475 480

Ser Ser Thr Asn Arg Val Ser Val Asn Asn Phe Ser Val Ser Asn Arg

485 490 495

Met Asn Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Asn Pro Gln Pro Asn Gly

500 505 510

Met Thr Asn Thr Leu Gln Gly Ser Asn Arg Tyr Ala Leu Glu Asn Thr

515 520 525

Met Ile Phe Asn Ala Gln Asn Ala Thr Pro Gly Thr Thr Ser Val Tyr

530 535 540

Pro Glu Asp Asn Leu Leu Leu Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val

545 550 555 560

Asn Arg Val Ala Tyr Asn Thr Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Ala Gln

565 570 575

Asn Ala Thr Thr Ala Pro Thr Val Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Val

580 585 590

Leu Pro Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

595 600 605

Ile Trp Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro

610 615 620

Ala Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile

625 630 635 640

Lys Asn Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro

645 650 655

Val Ser Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu

660 665 670

Met Glu Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu

675 680 685

Ile Gln Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala

690 695 700

Pro Asp Gly Ser Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Ala Ile Gly Thr Arg

705 710 715 720

Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725

<210> 898

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 898

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Ala Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

```
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
        435                 440                 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Met Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

    450                 455                 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465                 470                 475                 480
Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ala Ala Asp Asn Asn
                485                 490                 495
Asn Ser Asp Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
            500                 505                 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

        515                 520                 525
Asp Glu Glu Lys Tyr Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
    530                 535                 540
Gln Asp Ser Gly Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545                 550                 555                 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
                565                 570                 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Ser Gly Asn Thr Gln Ala Ala Thr

            580                 585                 590
Ser Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
        595                 600                 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
    610                 615                 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625                 630                 635                 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

                645                 650                 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
            660                 665                 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
```

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 899

<211> 1797

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 899

acggctccga ccggagacaa gcggaaaggc gaagacgaac ctcgtttgcc cgacacttct 60

tcacagactc ccaagaaaaa caagaagcct cgcaaggaaa gaccttccgg cggggcagaa 120

gatccgggcg aaggcacctc ttccaacgct ggagcagcag cacccgcctc tagtgtggga 180

tcatctatca tggctgaagg aggtggcggc ccagtgggcg atgcaggcca gggtgccgat 240

ggagtgggca attcctccgg aaattggcat tgcgattccc aatggctgga aaacggagtc 300

gtcactcgaa ccacccgaac ctgggtcttg cccagctaca acaaccacct gtacaaacga 360

atccaaggac ccagcggagg cgacaacaac aacaaattct ttggattcag cacccctgg 420

ggatactttg actacaatcg attccactgc cacttttccc cgcgagactg gcaacgactc 480

atcaacaaca actggggcat ccgtcccaaa gcgatgcgct ttagactctt taacatccag 540

gttaaagagg tcacggtcca agacttcaac accaccatcg gcaacaacct caccagtacg 600

gtccaggtct ttgcggacaa ggactaccaa ctgccgtacg tcctcggatc ggctaccgaa 660

ggcaccttcc cgccgttccc agcggatatc tacacgatcc cgcagtacgg gtactgcacg 720

ctaaactaca acaacgaggc ggtggatcgt tcggccttct actgtctgga ctactttccc 780

tcagacatgc tgcggacagg aaataacttt gagtttactt acaccttcga ggacgttcct 840

ttccatagca tgtttgccca caaccagacg ctagaccggc tgatgaatcc cctcgtggat 900

cagtacctct gggctttcag ctccgtcagc caagcaggct catctggacg agctcttcat 960

tactcgcggg cgactaaaac caacatggcg gctcaatata ggaactggtt acctgggcct 1020

ttcttccgtg atcagcaaat ctttacgggc gctagcaaca tcactaaaaa taacgtcttt 1080

agcgtttggg aaaaaggcaa gcaatgggaa ctcgacaatc ggaccaacct aatgcagccc 1140

ggtcctgcgg cagcgaccac ctttagcgga gaacctgacc gtcaagccat gcaaaacacg 1200

ctggctttta gcaggaccgt ctacgatcaa acgaccgcca cgaccgatcg taaccagata 1260

ctcatcacca acgaagacga aatcagaccc accaactcgg tcggtatcga cgcgtgggga 1320

gcagttccca ccaacaacca gtcgatcgtg acccccggca ctcgcgcggc cgtcaacaat 1380

caaggggcgc ttcccgggat ggtgtggcaa aacagagaca tttaccctac agggacccat 1440

ttggccaaaa ttcccgacac tgacaatcac ttccatccgt ccccgcttat tgggcggttt 1500

ggctgcaagc atccccctcc ccagattttc attaaaaaca cacccgtccc tgccaaccct 1560

tcggaaacgt tccagacggc caaagtggcc tccttcatca accagtactc gaccggacag 1620

tgcaccgtcg aaatcttttg ggaactcaag aaggaaacct ccaagcgctg gaaccccgaa 1680

atccagttca cctccaactt tggcaacgcg gccgacatcc agtttgccgt ctccgacacg 1740

ggatcctatt ccgaacctcg tcccatcggt acccgttacc ttaccaaacc tctgtaa 1797

<210> 900

<211> 1989

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 900

atgaggtcgt actacgaggt catcgttcag ctgcccaacg acgtcgagag tcaggtacct 60

ggaatctccg attcgttcgt caactggatt acgtcgcgag aatggacgtt gcctgaggac 120

gccgattggg atttggacca ggtcgatcaa gttcaactga cgctcggcga caaaatccaa 180

cgggagattc gaactcattg ggggacgatg gccaaagaac cggactttca ctattttatc 240

caactggaac aaggtgaggt gttctttcat ttacacgtcc tgctggaaac gtgttccgta 300

aagccgatgg tactcggaag atatatccga catattcaac aaaaaattgt gagtaaagtc 360

tactgcgcca cgagcctacg atggaaggat ggatgcgtgg tgaccaagac caaaaatttc 420

gggggcgcga acaaggtccg ggccgagtcg tatattcccg cctacctgat cccgaaacag 480

caaccggaag tgcagtgggc gtggactaac gtgcccgagt atataaaagc gtgcttgcac 540

cgagaactgc gtgccagtct cgcgcgactt cacttcgagg aggcgggcgt ctcgcaatcc 600

aaggaaaatc tcgcgagaac tgcagacggc gctcccgtga tgccgacccg cgtcagcaaa 660

cgctacatgg agctcgtgga ttggctcgtg gagaagggga tcaccaccga gaaggaatgg 720

ctgctggaaa acagagaaag ctttcggagc tttcaggcct cgagcaactc ggcgcgtcag 780

atcaagacgg ccctgcaagg cgccattcag gagatgcttc tgaccaagac ggcggaggac 840

tacctcgtcg gaaaggatcc cgtctcggac gacgacatcc gtcagaaccg catctacaag 900

attctggaac tgaaccacta cgacccagcg tacgtgggga gtattttggt cgggtggtgc 960

cagaagaaat ggggcaagcg aaacacgctg tggctgttcg gacatgcgac caccggcaag 1020

accaacatcg cggaggctat tgcccatgct gtgccgttct atggatgcgt taactggacc 1080

aacgagaact ttccgttcaa cgactgcgtc gaaaaaatga ttatctggtg ggaggagggc 1140

aaaatgaccg ccaaagtggt ggaaacagcc aaggcgattc tgggaggatc tcgggtgaga 1200

gtggaccaaa aatgcaaagc ttcggttccg atcgaaccga cgccggtcat tattaccagt 1260

aacaccaaca tgtgttatgt catcgacggg aacacgacca cgttcgagca taagcagccg 1320

ttggaggaca ggatgtttaa gctcgaattg ctgactcggt tgcctgatga ctttggtaag 1380

gtgaccaaac aggaggtgcg tcaattcttc aggtggtctc aggatcacct gacccctgtg 1440

atcccagaat tcctagtgcg gaaggcggag tctcgcaaaa gacccgcccc ttccggggaa 1500

ggctatataa gcccgacaaa gcggcccgcg ctcgcagagc agcagcaggc gtcggagagc 1560

gcggacccgg ttcccaccag gtatcgtatc aaatgctcga aacattgcgg tatggataaa 1620

atgttgtttc cttgccaaat ttgtgaatcg atgaacagag atattaatat ttgtgctatt 1680

cataaaacga ccgactgtaa agagtgtttc cccgactacg gggataaaga tgatgtagaa 1740

ctacccccct gtacagaaca caacgtgtct cgttgttatc aatgtcattc gggcgaattg 1800

tatcgcgtga cttcggactc tgacgagaaa cctgcccccg agagtgatga aggcaccgag 1860

ccatcctatg ctccctgcac gattcaccac ctgatgggca agagtcacgg gttagtcact 1920

tgcgcggcgt gtcggttgaa aaatagtacg ttgcatgatg acttggatga cggtgatctc 1980

gaacaataa 1989

<210> 901

<211> 1626

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 901

atgaggtcgt actacgaggt catcgttcag ctgcccaacg acgtcgagag tcaggtacct 60

ggaatctccg attcgttcgt caactggatt acgtcgcgag aatggacgtt gcctgaggac 120

gccgattggg atttggacca ggtcgatcaa gttcaactga cgctcggcga caaaatccaa 180

cgggagattc gaactcattg ggggacgatg gccaaagaac cggactttca ctattttatc 240

caactggaac aaggtgaggt gttctttcat ttacacgtcc tgctggaaac gtgttccgta 300

aagccgatgg tactcggaag atatatccga catattcaac aaaaaattgt gagtaaagtc 360

tactgcgcca cgagcctacg atggaaggat ggatgcgtgg tgaccaagac caaaaatttc 420

gggggcgcga acaaggtccg ggccgagtcg tatattcccg cctacctgat cccgaaacag 480

caaccggaag tgcagtgggc gtggactaac gtgcccgagt atataaaagc gtgcttgcac 540

cgagaactgc gtgccagtct cgcgcgactt cacttcgagg aggcgggcgt ctcgcaatcc 600

aaggaaaatc tcgcgagaac tgcagacggc gctcccgtga tgccgacccg cgtcagcaaa 660

cgctacatgg agctcgtgga ttggctcgtg gagaagggga tcaccaccga gaaggaatgg 720

ctgctggaaa acagagaaag ctttcggagc tttcaggcct cgagcaactc ggcgcgtcag 780

atcaagacgg ccctgcaagg cgccattcag gagatgcttc tgaccaagac ggcggaggac 840

tacctcgtcg gaaaggatcc cgtctcggac gacgacatcc gtcagaaccg catctacaag 900

attctggaac tgaaccacta cgacccagcg tacgtgggga gtattttggt cgggtggtgc 960

cagaagaaat ggggcaagcg aaacacgctg tggctgttcg gacatgcgac caccggcaag 1020

accaacatcg cggaggctat tgcccatgct gtgccgttct atggatgcgt taactggacc 1080

aacgagaact ttccgttcaa cgactgcgtc gaaaaaatga ttatctggtg ggaggagggc 1140

aaaatgaccg ccaaagtggt ggaaacagcc aaggcgattc tgggaggatc tcgggtgaga 1200

gtggaccaaa aatgcaaagc ttcggttccg atcgaaccga cgccggtcat tattaccagt 1260

aacaccaaca tgtgttatgt catcgacggg aacacgacca cgttcgagca taagcagccg 1320

ttggaggaca ggatgtttaa gctcgaattg ctgactcggt tgcctgatga ctttggtaag 1380

gtgaccaaac aggaggtgcg tcaattcttc aggtggtctc aggatcacct gacccctgtg 1440

atcccagaat tcctagtgcg gaaggcggag tctcgcaaaa gacccgcccc ttccggggaa 1500

ggctatataa gcccgacaaa gcggcccgcg ctcgcagagc agcagcaggc gtcggagagc 1560

gcggacccgg ttcccaccag attggttgga gcggttggtc aaaaagggag tgaatgctgc 1620

agctga 1626

<210> 902

<211> 1323

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 902

atggagctcg tggattggct cgtggagaag gggatcacca ccgagaagga atggctgctg 60

gaaaacagag aaagctttcg gagctttcag gcctcgagca actcggcgcg tcagatcaag 120

acggccctgc aaggcgccat tcaggagatg cttctgacca agacggcgga ggactacctc 180

gtcggaaagg atcccgtctc ggacgacgac atccgtcaga accgcatcta caagattctg 240

gaactgaacc actacgaccc agcgtacgtg gggagtattt tggtcgggtg gtgccagaag 300

aaatggggca agcgaaacac gctgtggctg ttcggacatg cgaccaccgg caagaccaac 360

atcgcggagg ctattgccca tgctgtgccg ttctatggat gcgttaactg gaccaacgag 420

aactttccgt tcaacgactg cgtcgaaaaa atgattatct ggtgggagga gggcaaaatg 480

accgccaaag tggtggaaac agccaaggcg attctgggag gatctcgggt gagagtggac 540

caaaaatgca aagcttcggt tccgatcgaa ccgacgccgg tcattattac cagtaacacc 600

aacatgtgtt atgtcatcga cgggaacacg accacgttcg agcataagca gccgttggag 660

gacaggatgt ttaagctcga attgctgact cggttgcctg atgactttgg taaggtgacc 720

aaacaggagg tgcgtcaatt cttcaggtgg tctcaggatc acctgacccc tgtgatccca 780

gaattcctag tgcggaaggc ggagtctcgc aaaagacccg ccccttccgg ggaaggctat 840

ataagcccga caaagcggcc cgcgctcgca gagcagcagc aggcgtcgga gagcgcggac 900

ccggttccca ccaggtatcg tatcaaatgc tcgaaacatt gcggtatgga taaaatgttg 960

tttccttgcc aaatttgtga atcgatgaac agagatatta atatttgtgc tattcataaa 1020

acgaccgact gtaaagagtg tttccccgac tacggggata aagatgatgt agaactaccc 1080

ccctgtacag aacacaacgt gtctcgttgt tatcaatgtc attcgggcga attgtatcgc 1140

gtgacttcgg actctgacga gaaacctgcc cccgagagtg atgaaggcac cgagccatcc 1200

tatgctccct gcacgattca ccacctgatg ggcaagagtc acgggttagt cacttgcgcg 1260

gcgtgtcggt tgaaaaatag tacgttgcat gatgacttgg atgacggtga tctcgaacaa 1320

taa 1323

<210> 903

<211> 960

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 903

atggagctcg tggattggct cgtggagaag gggatcacca ccgagaagga atggctgctg 60

gaaaacagag aaagctttcg gagctttcag gcctcgagca actcggcgcg tcagatcaag 120

acggccctgc aaggcgccat tcaggagatg cttctgacca agacggcgga ggactacctc 180

gtcggaaagg atcccgtctc ggacgacgac atccgtcaga accgcatcta caagattctg 240

gaactgaacc actacgaccc agcgtacgtg gggagtattt tggtcgggtg gtgccagaag 300

aaatggggca agcgaaacac gctgtggctg ttcggacatg cgaccaccgg caagaccaac 360

atcgcggagg ctattgccca tgctgtgccg ttctatggat gcgttaactg gaccaacgag 420

aactttccgt tcaacgactg cgtcgaaaaa atgattatct ggtgggagga gggcaaaatg 480

accgccaaag tggtggaaac agccaaggcg attctgggag gatctcgggt gagagtggac 540

caaaaatgca aagcttcggt tccgatcgaa ccgacgccgg tcattattac cagtaacacc 600

aacatgtgtt atgtcatcga cgggaacacg accacgttcg agcataagca gccgttggag 660

gacaggatgt ttaagctcga attgctgact cggttgcctg atgactttgg taaggtgacc 720

aaacaggagg tgcgtcaatt cttcaggtgg tctcaggatc acctgacccc tgtgatccca 780

gaattcctag tgcggaaggc ggagtctcgc aaaagacccg ccccttccgg ggaaggctat 840

ataagcccga caaagcggcc cgcgctcgca gagcagcagc aggcgtcgga gagcgcggac 900

ccggttccca ccagattggt tggagcggtt ggtcaaaaag ggagtgaatg ctgcagctga 960

<210> 904

<211> 1608

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 904

atggctgaag gaggtggcgg cccagtgggc gatgcaggcc agggtgccga tggagtgggc 60

aattcctccg gaaattggca ttgcgattcc caatggctgg aaaacggagt cgtcactcga 120

accacccgaa cctgggtctt gcccagctac aacaaccacc tgtacaaacg aatccaagga 180

cccagcggag gcgacaacaa caacaaattc tttggattca gcacccccctg gggatacttt 240

gactacaatc gattccactg ccacttttcc ccgcgagact ggcaacgact catcaacaac 300

aactggggca tccgtcccaa agcgatgcgc tttagactct ttaacatcca ggttaaagag 360

gtcacggtcc aagacttcaa caccaccatc ggcaacaacc tcaccagtac ggtccaggtc 420

tttgcggaca aggactacca actgccgtac gtcctcggat cggctaccga aggcaccttc 480

ccgccgttcc cagcggatat ctacacgatc ccgcagtacg ggtactgcac gctaaactac 540

aacaacgagg cggtggatcg ttcggccttc tactgtctgg actactttcc ctcagacatg 600
ctgcggacag gaaataactt tgagtttact tacaccttcg aggacgttcc tttccatagc 660
atgtttgccc acaaccagac gctagaccgg ctgatgaatc ccctcgtgga tcagtacctc 720
tgggctttca gctccgtcag ccaagcaggc tcatctggac gagctcttca ttactcgcgg 780
gcgactaaaa ccaacatggc ggctcaatat aggaactggt tacctgggcc tttcttccgt 840
gatcagcaaa tctttacggg cgctagcaac atcactaaaa ataacgtctt tagcgtttgg 900
gaaaaaggca agcaatggga actcgacaat cggaccaacc taatgcagcc cggtcctgcg 960

gcagcgacca cctttagcgg agaacctgac cgtcaagcca tgcaaaacac gctggctttt 1020
agcaggaccg tctacgatca aacgaccgcc acgaccgatc gtaaccagat actcatcacc 1080
aacgaagacg aaatcagacc caccaactcg gtcggtatcg acgcgtgggg agcagttccc 1140
accaacaacc agtcgatcgt gacccccggc actcgcgcgg ccgtcaacaa tcaaggggcg 1200
cttcccggga tggtgtggca aaacagagac atttacccta cagggaccca tttggccaaa 1260
attcccgaca ctgacaatca cttccatccg tccccgctta ttgggcggtt tggctgcaag 1320
catccccctc cccagatttt cattaaaaac acacccgtcc ctgccaaccc ttcggaaacg 1380

ttccagacgg ccaaagtggc ctccttcatc aaccagtact cgaccggaca gtgcaccgtc 1440
gaaatctttt gggaactcaa gaaggaaacc tccaagcgct ggaaccccga aatccagttc 1500
acctccaact ttggcaacgc ggccgacatc cagtttgccg tctccgacac gggatcctat 1560
tccgaacctc gtcccatcgg tacccgttac cttaccaaac ctctgtaa 1608

<210> 905
<211> 2232
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 905

atgtctctca tttctgatgc gattccagat tggttggagc ggttggtcaa aaagggagtg 60

aatgctgcag ctgatttcta ccatttggaa agcggtcctc ctcgtcctaa ggcaaatcag 120
caaactcaag aatctcttga aaaggacgat tcgagaggtc tcgtgttccc aggctacaat 180
tatctaggcc ctttcaacgg tctagataaa ggagaacccg tcaacgaggc agacgctgcc 240
gccttagaac acgacaaggc ttacgacctc gaaatcaagg acgggcacaa cccgtacttt 300

gagtacaacg aggccgacag acgtttccag gaacgtctca aagacgatac ctcctttgga 360

ggcaatttag gtaaagccat cttccaggcc aaaaagaggg ttctcgaacc ctttggtctg 420

gtggaagact caaagacggc tccgaccgga gacaagcgga aaggcgaaga cgaacctcgt 480

ttgcccgaca cttcttcaca gactcccaag aaaaacaaga agcctcgcaa ggaaagacct 540

tccggcgggg cagaagatcc gggcgaaggc acctcttcca acgctggagc agcagcaccc 600

gcctctagtg tgggatcatc tatcatggct gaaggaggtg gcggcccagt gggcgatgca 660

ggccagggtg ccgatggagt gggcaattcc tccggaaatt ggcattgcga ttcccaatgg 720

ctggaaaacg gagtcgtcac tcgaaccacc cgaacctggg tcttgcccag ctacaacaac 780

cacctgtaca aacgaatcca aggacccagc ggaggcgaca acaacaacaa attctttgga 840

ttcagcaccc cctggggata ctttgactac aatcgattcc actgccactt ttccccgcga 900

gactggcaac gactcatcaa caacaactgg ggcatccgtc ccaaagcgat gcgctttaga 960

ctctttaaca tccaggttaa agaggtcacg gtccaagact tcaacaccac catcggcaac 1020

aacctcacca gtacggtcca ggtctttgcg gacaaggact accaactgcc gtacgtcctc 1080

ggatcggcta ccgaaggcac cttcccgccg ttcccagcgg atatctacac gatcccgcag 1140

tacgggtact gcacgctaaa ctacaacaac gaggcggtgg atcgttcggc cttctactgt 1200

ctggactact ttccctcaga catgctgcgg acaggaaata actttgagtt tacttacacc 1260

ttcgaggacg ttcctttcca tagcatgttt gcccacaacc agacgctaga ccggctgatg 1320

aatcccctcg tggatcagta cctctgggct ttcagctccg tcagccaagc aggctcatct 1380

ggacgagctc ttcattactc gcgggcgact aaaaccaaca tggcggctca atataggaac 1440

tggttacctg ggcctttctt ccgtgatcag caaatcttta cgggcgctag caacatcact 1500

aaaaataacg tctttagcgt ttgggaaaaa ggcaagcaat gggaactcga caatcggacc 1560

aacctaatgc agcccggtcc tgcggcagcg accaccttta gcggagaacc tgaccgtcaa 1620

gccatgcaaa acacgctggc ttttagcagg accgtctacg atcaaacgac cgccacgacc 1680

gatcgtaacc agatactcat caccaacgaa gacgaaatca gacccaccaa ctcggtcggt 1740

atcgacgcgt ggggagcagt tcccaccaac aaccagtcga tcgtgacccc cggcactcgc 1800

gcggccgtca acaatcaagg ggcgcttccc gggatggtgt ggcaaaacag agacatttac 1860

cctacaggga cccatttggc caaaattccc gacactgaca atcacttcca tccgtccccg 1920

cttattgggc ggtttggctg caagcatccc cctccccaga ttttcattaa aaacacaccc 1980

gtccctgcca acccttcgga aacgttccag acggccaaag tggcctcctt catcaaccag 2040

tactcgaccg gacagtgcac cgtcgaaatc ttttgggaac tcaagaagga aacctccaag 2100

cgctggaacc ccgaaatcca gttcacctcc aactttggca acgcggccga catccagttt 2160

gccgtctccg acacgggatc ctattccgaa cctcgtccca tcggtacccg ttaccttacc 2220

aaacctctgt aa 2232

<210> 906

<211> 535

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 906

Met Ala Glu Gly Gly Gly Gly Pro Val Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala
1 5 10 15

Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp
20 25 30

Leu Glu Asn Gly Val Val Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
35 40 45

Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Ile Gln Gly Pro Ser Gly Gly
50 55 60

Asp Asn Asn Asn Lys Phe Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe
65 70 75 80

Asp Tyr Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg
85 90 95

Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Ile Arg Pro Lys Ala Met Arg Phe Arg
100 105 110

Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Phe Asn Thr
115 120 125

Thr Ile Gly Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Lys
130 135 140

Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Thr Glu Gly Thr Phe
145 150 155 160

Pro Pro Phe Pro Ala Asp Ile Tyr Thr Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys

165 170 175

Thr Leu Asn Tyr Asn Asn Glu Ala Val Asp Arg Ser Ala Phe Tyr Cys

180 185 190

Leu Asp Tyr Phe Pro Ser Asp Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu

195 200 205

Phe Thr Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Met Phe Ala His

210 215 220

Asn Gln Thr Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu

225 230 235 240

Trp Ala Phe Ser Ser Val Ser Gln Ala Gly Ser Ser Gly Arg Ala Leu

245 250 255

His Tyr Ser Arg Ala Thr Lys Thr Asn Met Ala Ala Gln Tyr Arg Asn

260 265 270

Trp Leu Pro Gly Pro Phe Phe Arg Asp Gln Gln Ile Phe Thr Gly Ala

275 280 285

Ser Asn Ile Thr Lys Asn Asn Val Phe Ser Val Trp Glu Lys Gly Lys

290 295 300

Gln Trp Glu Leu Asp Asn Arg Thr Asn Leu Met Gln Pro Gly Pro Ala

305 310 315 320

Ala Ala Thr Thr Phe Ser Gly Glu Pro Asp Arg Gln Ala Met Gln Asn

325 330 335

Thr Leu Ala Phe Ser Arg Thr Val Tyr Asp Gln Thr Thr Ala Thr Thr

340 345 350

Asp Arg Asn Gln Ile Leu Ile Thr Asn Glu Asp Glu Ile Arg Pro Thr

355 360 365

Asn Ser Val Gly Ile Asp Ala Trp Gly Ala Val Pro Thr Asn Asn Gln

370 375 380

Ser Ile Val Thr Pro Gly Thr Arg Ala Ala Val Asn Asn Gln Gly Ala

385 390 395 400

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Pro Thr Gly Thr

405 410 415

His Leu Ala Lys Ile Pro Asp Thr Asp Asn His Phe His Pro Ser Pro
420 425 430
Leu Ile Gly Arg Phe Gly Cys Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile
435 440 445
Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Phe Gln Thr Ala
450 455 460
Lys Val Ala Ser Phe Ile Asn Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Cys Thr Val
465 470 475 480

Glu Ile Phe Trp Glu Leu Lys Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro
485 490 495
Glu Ile Gln Phe Thr Ser Asn Phe Gly Asn Ala Ala Asp Ile Gln Phe
500 505 510
Ala Val Ser Asp Thr Gly Ser Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr
515 520 525
Arg Tyr Leu Thr Lys Pro Leu
530 535

<210> 907
<211> 440
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 907
Met Glu Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Lys Gly Ile Thr Thr Glu Lys
1 5 10 15
Glu Trp Leu Leu Glu Asn Arg Glu Ser Phe Arg Ser Phe Gln Ala Ser
20 25 30
Ser Asn Ser Ala Arg Gln Ile Lys Thr Ala Leu Gln Gly Ala Ile Gln
35 40 45
Glu Met Leu Leu Thr Lys Thr Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Lys Asp

50 55 60
Pro Val Ser Asp Asp Asp Ile Arg Gln Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu

65 70 75 80

Glu Leu Asn His Tyr Asp Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ile Leu Val Gly

85 90 95

Trp Cys Gln Lys Lys Trp Gly Lys Arg Asn Thr Leu Trp Leu Phe Gly

100 105 110

His Ala Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala

115 120 125

Val Pro Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe

130 135 140

Asn Asp Cys Val Glu Lys Met Ile Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met

145 150 155 160

Thr Ala Lys Val Val Glu Thr Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg

165 170 175

Val Arg Val Asp Gln Lys Cys Lys Ala Ser Val Pro Ile Glu Pro Thr

180 185 190

Pro Val Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Tyr Val Ile Asp Gly

195 200 205

Asn Thr Thr Thr Phe Glu His Lys Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe

210 215 220

Lys Leu Glu Leu Leu Thr Arg Leu Pro Asp Asp Phe Gly Lys Val Thr

225 230 235 240

Lys Gln Glu Val Arg Gln Phe Phe Arg Trp Ser Gln Asp His Leu Thr

245 250 255

Pro Val Ile Pro Glu Phe Leu Val Arg Lys Ala Glu Ser Arg Lys Arg

260 265 270

Pro Ala Pro Ser Gly Glu Gly Tyr Ile Ser Pro Thr Lys Arg Pro Ala

275 280 285

Leu Ala Glu Gln Gln Gln Ala Ser Glu Ser Ala Asp Pro Val Pro Thr

290 295 300

Arg Tyr Arg Ile Lys Cys Ser Lys His Cys Gly Met Asp Lys Met Leu

305 310 315 320

Phe Pro Cys Gln Ile Cys Glu Ser Met Asn Arg Asp Ile Asn Ile Cys
325 330 335
Ala Ile His Lys Thr Thr Asp Cys Lys Glu Cys Phe Pro Asp Tyr Gly
340 345 350
Asp Lys Asp Asp Val Glu Leu Pro Pro Cys Thr Glu His Asn Val Ser
355 360 365
Arg Cys Tyr Gln Cys His Ser Gly Glu Leu Tyr Arg Val Thr Ser Asp

370 375 380
Ser Asp Glu Lys Pro Ala Pro Glu Ser Asp Glu Gly Thr Glu Pro Ser
385 390 395 400
Tyr Ala Pro Cys Thr Ile His His Leu Met Gly Lys Ser His Gly Leu
405 410 415
Val Thr Cys Ala Ala Cys Arg Leu Lys Asn Ser Thr Leu His Asp Asp
420 425 430
Leu Asp Asp Gly Asp Leu Glu Gln
435 440

<210> 908
<211> 319
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 908
Met Glu Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Lys Gly Ile Thr Thr Glu Lys
1 5 10 15
Glu Trp Leu Leu Glu Asn Arg Glu Ser Phe Arg Ser Phe Gln Ala Ser
20 25 30
Ser Asn Ser Ala Arg Gln Ile Lys Thr Ala Leu Gln Gly Ala Ile Gln
35 40 45

Glu Met Leu Leu Thr Lys Thr Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Lys Asp
50 55 60
Pro Val Ser Asp Asp Asp Ile Arg Gln Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu

65 70 75 80

Glu Leu Asn His Tyr Asp Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ile Leu Val Gly

85 90 95

Trp Cys Gln Lys Lys Trp Gly Lys Arg Asn Thr Leu Trp Leu Phe Gly

100 105 110

His Ala Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala

115 120 125

Val Pro Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe

130 135 140

Asn Asp Cys Val Glu Lys Met Ile Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met

145 150 155 160

Thr Ala Lys Val Val Glu Thr Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg

165 170 175

Val Arg Val Asp Gln Lys Cys Lys Ala Ser Val Pro Ile Glu Pro Thr

180 185 190

Pro Val Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Tyr Val Ile Asp Gly

195 200 205

Asn Thr Thr Thr Phe Glu His Lys Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe

210 215 220

Lys Leu Glu Leu Leu Thr Arg Leu Pro Asp Asp Phe Gly Lys Val Thr

225 230 235 240

Lys Gln Glu Val Arg Gln Phe Phe Arg Trp Ser Gln Asp His Leu Thr

245 250 255

Pro Val Ile Pro Glu Phe Leu Val Arg Lys Ala Glu Ser Arg Lys Arg

260 265 270

Pro Ala Pro Ser Gly Glu Gly Tyr Ile Ser Pro Thr Lys Arg Pro Ala

275 280 285

Leu Ala Glu Gln Gln Gln Ala Ser Glu Ser Ala Asp Pro Val Pro Thr

290 295 300

Arg Leu Val Gly Ala Val Gly Gln Lys Gly Ser Glu Cys Cys Ser

305 310 315

<210> 909

<211> 662

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 909

Met Arg Ser Tyr Tyr Glu Val Ile Val Gln Leu Pro Asn Asp Val Glu
1 5 10 15
Ser Gln Val Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Ile Thr Ser
20 25 30

Arg Glu Trp Thr Leu Pro Glu Asp Ala Asp Trp Asp Leu Asp Gln Val
35 40 45
Asp Gln Val Gln Leu Thr Leu Gly Asp Lys Ile Gln Arg Glu Ile Arg
50 55 60
Thr His Trp Gly Thr Met Ala Lys Glu Pro Asp Phe His Tyr Phe Ile
65 70 75 80
Gln Leu Glu Gln Gly Glu Val Phe Phe His Leu His Val Leu Leu Glu
85 90 95

Thr Cys Ser Val Lys Pro Met Val Leu Gly Arg Tyr Ile Arg His Ile
100 105 110
Gln Gln Lys Ile Val Ser Lys Val Tyr Cys Ala Thr Ser Leu Arg Trp
115 120 125
Lys Asp Gly Cys Val Val Thr Lys Thr Lys Asn Phe Gly Gly Ala Asn
130 135 140
Lys Val Arg Ala Glu Ser Tyr Ile Pro Ala Tyr Leu Ile Pro Lys Gln
145 150 155 160

Gln Pro Glu Val Gln Trp Ala Trp Thr Asn Val Pro Glu Tyr Ile Lys
165 170 175
Ala Cys Leu His Arg Glu Leu Arg Ala Ser Leu Ala Arg Leu His Phe
180 185 190
Glu Glu Ala Gly Val Ser Gln Ser Lys Glu Asn Leu Ala Arg Thr Ala

195 200 205

Asp Gly Ala Pro Val Met Pro Thr Arg Val Ser Lys Arg Tyr Met Glu

210 215 220

Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Lys Gly Ile Thr Thr Glu Lys Glu Trp

225 230 235 240

Leu Leu Glu Asn Arg Glu Ser Phe Arg Ser Phe Gln Ala Ser Ser Asn

245 250 255

Ser Ala Arg Gln Ile Lys Thr Ala Leu Gln Gly Ala Ile Gln Glu Met

260 265 270

Leu Leu Thr Lys Thr Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Lys Asp Pro Val

275 280 285

Ser Asp Asp Asp Ile Arg Gln Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu Glu Leu

290 295 300

Asn His Tyr Asp Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ile Leu Val Gly Trp Cys

305 310 315 320

Gln Lys Lys Trp Gly Lys Arg Asn Thr Leu Trp Leu Phe Gly His Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Glu Lys Met Ile Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Thr Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ala Ser Val Pro Ile Glu Pro Thr Pro Val

405 410 415

Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Tyr Val Ile Asp Gly Asn Thr

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Lys Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe Lys Leu

435 440 445

Glu Leu Leu Thr Arg Leu Pro Asp Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln
450 455 460
Glu Val Arg Gln Phe Phe Arg Trp Ser Gln Asp His Leu Thr Pro Val
465 470 475 480

Ile Pro Glu Phe Leu Val Arg Lys Ala Glu Ser Arg Lys Arg Pro Ala
485 490 495
Pro Ser Gly Glu Gly Tyr Ile Ser Pro Thr Lys Arg Pro Ala Leu Ala
500 505 510
Glu Gln Gln Gln Ala Ser Glu Ser Ala Asp Pro Val Pro Thr Arg Tyr
515 520 525
Arg Ile Lys Cys Ser Lys His Cys Gly Met Asp Lys Met Leu Phe Pro
530 535 540

Cys Gln Ile Cys Glu Ser Met Asn Arg Asp Ile Asn Ile Cys Ala Ile
545 550 555 560
His Lys Thr Thr Asp Cys Lys Glu Cys Phe Pro Asp Tyr Gly Asp Lys
565 570 575
Asp Asp Val Glu Leu Pro Pro Cys Thr Glu His Asn Val Ser Arg Cys
580 585 590
Tyr Gln Cys His Ser Gly Glu Leu Tyr Arg Val Thr Ser Asp Ser Asp
595 600 605

Glu Lys Pro Ala Pro Glu Ser Asp Glu Gly Thr Glu Pro Ser Tyr Ala
610 615 620
Pro Cys Thr Ile His His Leu Met Gly Lys Ser His Gly Leu Val Thr
625 630 635 640
Cys Ala Ala Cys Arg Leu Lys Asn Ser Thr Leu His Asp Asp Leu Asp
645 650 655
Asp Gly Asp Leu Glu Gln
660

<210> 910
<211> 541
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 910

Met Arg Ser Tyr Tyr Glu Val Ile Val Gln Leu Pro Asn Asp Val Glu
1 5 10 15
Ser Gln Val Pro Gly Ile Ser Asp Ser Phe Val Asn Trp Ile Thr Ser
20 25 30
Arg Glu Trp Thr Leu Pro Glu Asp Ala Asp Trp Asp Leu Asp Gln Val
35 40 45
Asp Gln Val Gln Leu Thr Leu Gly Asp Lys Ile Gln Arg Glu Ile Arg
50 55 60
Thr His Trp Gly Thr Met Ala Lys Glu Pro Asp Phe His Tyr Phe Ile
65 70 75 80
Gln Leu Glu Gln Gly Glu Val Phe Phe His Leu His Val Leu Leu Glu
85 90 95
Thr Cys Ser Val Lys Pro Met Val Leu Gly Arg Tyr Ile Arg His Ile
100 105 110
Gln Gln Lys Ile Val Ser Lys Val Tyr Cys Ala Thr Ser Leu Arg Trp
115 120 125
Lys Asp Gly Cys Val Val Thr Lys Thr Lys Asn Phe Gly Gly Ala Asn
130 135 140
Lys Val Arg Ala Glu Ser Tyr Ile Pro Ala Tyr Leu Ile Pro Lys Gln
145 150 155 160
Gln Pro Glu Val Gln Trp Ala Trp Thr Asn Val Pro Glu Tyr Ile Lys
165 170 175
Ala Cys Leu His Arg Glu Leu Arg Ala Ser Leu Ala Arg Leu His Phe
180 185 190
Glu Glu Ala Gly Val Ser Gln Ser Lys Glu Asn Leu Ala Arg Thr Ala
195 200 205
Asp Gly Ala Pro Val Met Pro Thr Arg Val Ser Lys Arg Tyr Met Glu

210 215 220

Leu Val Asp Trp Leu Val Glu Lys Gly Ile Thr Thr Glu Lys Glu Trp

225 230 235 240

Leu Leu Glu Asn Arg Glu Ser Phe Arg Ser Phe Gln Ala Ser Ser Asn

245 250 255

Ser Ala Arg Gln Ile Lys Thr Ala Leu Gln Gly Ala Ile Gln Glu Met

260 265 270

Leu Leu Thr Lys Thr Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Lys Asp Pro Val

275 280 285

Ser Asp Asp Asp Ile Arg Gln Asn Arg Ile Tyr Lys Ile Leu Glu Leu

290 295 300

Asn His Tyr Asp Pro Ala Tyr Val Gly Ser Ile Leu Val Gly Trp Cys

305 310 315 320

Gln Lys Lys Trp Gly Lys Arg Asn Thr Leu Trp Leu Phe Gly His Ala

325 330 335

Thr Thr Gly Lys Thr Asn Ile Ala Glu Ala Ile Ala His Ala Val Pro

340 345 350

Phe Tyr Gly Cys Val Asn Trp Thr Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp

355 360 365

Cys Val Glu Lys Met Ile Ile Trp Trp Glu Glu Gly Lys Met Thr Ala

370 375 380

Lys Val Val Glu Thr Ala Lys Ala Ile Leu Gly Gly Ser Arg Val Arg

385 390 395 400

Val Asp Gln Lys Cys Lys Ala Ser Val Pro Ile Glu Pro Thr Pro Val

405 410 415

Ile Ile Thr Ser Asn Thr Asn Met Cys Tyr Val Ile Asp Gly Asn Thr

420 425 430

Thr Thr Phe Glu His Lys Gln Pro Leu Glu Asp Arg Met Phe Lys Leu

435 440 445

Glu Leu Leu Thr Arg Leu Pro Asp Asp Phe Gly Lys Val Thr Lys Gln

450 455 460

Glu Val Arg Gln Phe Phe Arg Trp Ser Gln Asp His Leu Thr Pro Val
465 470 475 480
Ile Pro Glu Phe Leu Val Arg Lys Ala Glu Ser Arg Lys Arg Pro Ala
485 490 495
Pro Ser Gly Glu Gly Tyr Ile Ser Pro Thr Lys Arg Pro Ala Leu Ala

500 505 510
Glu Gln Gln Gln Ala Ser Glu Ser Ala Asp Pro Val Pro Thr Arg Leu
515 520 525
Val Gly Ala Val Gly Gln Lys Gly Ser Glu Cys Cys Ser
530 535 540

<210> 911
<211> 743
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 911
Met Ser Leu Ile Ser Asp Ala Ile Pro Asp Trp Leu Glu Arg Leu Val

1 5 10 15
Lys Lys Gly Val Asn Ala Ala Ala Asp Phe Tyr His Leu Glu Ser Gly
20 25 30
Pro Pro Arg Pro Lys Ala Asn Gln Gln Thr Gln Glu Ser Leu Glu Lys
35 40 45
Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Phe Pro Gly Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro
50 55 60
Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala

65 70 75 80
Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Leu Glu Ile Lys Asp Gly His
85 90 95
Asn Pro Tyr Phe Glu Tyr Asn Glu Ala Asp Arg Arg Phe Gln Glu Arg
100 105 110
Leu Lys Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn Leu Gly Lys Ala Ile Phe

115 120 125

Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe Gly Leu Val Glu Asp Ser

130 135 140

Lys Thr Ala Pro Thr Gly Asp Lys Arg Lys Gly Glu Asp Glu Pro Arg

145 150 155 160

Leu Pro Asp Thr Ser Ser Gln Thr Pro Lys Lys Asn Lys Lys Pro Arg

165 170 175

Lys Glu Arg Pro Ser Gly Gly Ala Glu Asp Pro Gly Glu Gly Thr Ser

180 185 190

Ser Asn Ala Gly Ala Ala Ala Pro Ala Ser Ser Val Gly Ser Ser Ile

195 200 205

Met Ala Glu Gly Gly Gly Gly Pro Val Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala

210 215 220

Asp Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp

225 230 235 240

Leu Glu Asn Gly Val Val Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

245 250 255

Ser Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Ile Gln Gly Pro Ser Gly Gly

260 265 270

Asp Asn Asn Asn Lys Phe Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe

275 280 285

Asp Tyr Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg

290 295 300

Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Ile Arg Pro Lys Ala Met Arg Phe Arg

305 310 315 320

Leu Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Phe Asn Thr

325 330 335

Thr Ile Gly Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Lys

340 345 350

Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Thr Glu Gly Thr Phe

355 360 365

Pro Pro Phe Pro Ala Asp Ile Tyr Thr Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys
370 375 380
Thr Leu Asn Tyr Asn Asn Glu Ala Val Asp Arg Ser Ala Phe Tyr Cys

385 390 395 400
Leu Asp Tyr Phe Pro Ser Asp Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu
405 410 415
Phe Thr Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Met Phe Ala His
420 425 430
Asn Gln Thr Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu
435 440 445
Trp Ala Phe Ser Ser Val Ser Gln Ala Gly Ser Ser Gly Arg Ala Leu

450 455 460
His Tyr Ser Arg Ala Thr Lys Thr Asn Met Ala Ala Gln Tyr Arg Asn
465 470 475 480
Trp Leu Pro Gly Pro Phe Phe Arg Asp Gln Gln Ile Phe Thr Gly Ala
485 490 495
Ser Asn Ile Thr Lys Asn Asn Val Phe Ser Val Trp Glu Lys Gly Lys
500 505 510
Gln Trp Glu Leu Asp Asn Arg Thr Asn Leu Met Gln Pro Gly Pro Ala

515 520 525
Ala Ala Thr Thr Phe Ser Gly Glu Pro Asp Arg Gln Ala Met Gln Asn
530 535 540
Thr Leu Ala Phe Ser Arg Thr Val Tyr Asp Gln Thr Thr Ala Thr Thr
545 550 555 560
Asp Arg Asn Gln Ile Leu Ile Thr Asn Glu Asp Glu Ile Arg Pro Thr
565 570 575
Asn Ser Val Gly Ile Asp Ala Trp Gly Ala Val Pro Thr Asn Asn Gln

580 585 590
Ser Ile Val Thr Pro Gly Thr Arg Ala Ala Val Asn Asn Gln Gly Ala
595 600 605
Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Pro Thr Gly Thr

610 615 620

His Leu Ala Lys Ile Pro Asp Thr Asp Asn His Phe His Pro Ser Pro

625 630 635 640

Leu Ile Gly Arg Phe Gly Cys Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Phe Gln Thr Ala

660 665 670

Lys Val Ala Ser Phe Ile Asn Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Cys Thr Val

675 680 685

Glu Ile Phe Trp Glu Leu Lys Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro

690 695 700

Glu Ile Gln Phe Thr Ser Asn Phe Gly Asn Ala Ala Asp Ile Gln Phe

705 710 715 720

Ala Val Ser Asp Thr Gly Ser Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr

725 730 735

Arg Tyr Leu Thr Lys Pro Leu

740

<210> 912

<211> 598

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 912

Thr Ala Pro Thr Gly Asp Lys Arg Lys Gly Glu Asp Glu Pro Arg Leu

1 5 10 15

Pro Asp Thr Ser Ser Gln Thr Pro Lys Lys Asn Lys Lys Pro Arg Lys

20 25 30

Glu Arg Pro Ser Gly Gly Ala Glu Asp Pro Gly Glu Gly Thr Ser Ser

35 40 45

Asn Ala Gly Ala Ala Ala Pro Ala Ser Ser Val Gly Ser Ser Ile Met

50 55 60

Ala Glu Gly Gly Gly Gly Pro Val Gly Asp Ala Gly Gln Gly Ala Asp
65 70 75 80

Gly Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu
85 90 95

Glu Asn Gly Val Val Thr Arg Thr Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser
100 105 110

Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Ile Gln Gly Pro Ser Gly Gly Asp
115 120 125

Asn Asn Asn Lys Phe Phe Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp
130 135 140

Tyr Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu
145 150 155 160

Ile Asn Asn Asn Trp Gly Ile Arg Pro Lys Ala Met Arg Phe Arg Leu
165 170 175

Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Phe Asn Thr Thr
180 185 190

Ile Gly Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Lys Asp
195 200 205

Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala Thr Glu Gly Thr Phe Pro
210 215 220

Pro Phe Pro Ala Asp Ile Tyr Thr Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Cys Thr
225 230 235 240

Leu Asn Tyr Asn Asn Glu Ala Val Asp Arg Ser Ala Phe Tyr Cys Leu
245 250 255

Asp Tyr Phe Pro Ser Asp Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Glu Phe
260 265 270

Thr Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe His Ser Met Phe Ala His Asn
275 280 285

Gln Thr Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Val Asp Gln Tyr Leu Trp
290 295 300

Ala Phe Ser Ser Val Ser Gln Ala Gly Ser Ser Gly Arg Ala Leu His

305 310 315 320

Tyr Ser Arg Ala Thr Lys Thr Asn Met Ala Ala Gln Tyr Arg Asn Trp

325 330 335

Leu Pro Gly Pro Phe Phe Arg Asp Gln Gln Ile Phe Thr Gly Ala Ser

340 345 350

Asn Ile Thr Lys Asn Asn Val Phe Ser Val Trp Glu Lys Gly Lys Gln

355 360 365

Trp Glu Leu Asp Asn Arg Thr Asn Leu Met Gln Pro Gly Pro Ala Ala

370 375 380

Ala Thr Thr Phe Ser Gly Glu Pro Asp Arg Gln Ala Met Gln Asn Thr

385 390 395 400

Leu Ala Phe Ser Arg Thr Val Tyr Asp Gln Thr Thr Ala Thr Thr Asp

405 410 415

Arg Asn Gln Ile Leu Ile Thr Asn Glu Asp Glu Ile Arg Pro Thr Asn

420 425 430

Ser Val Gly Ile Asp Ala Trp Gly Ala Val Pro Thr Asn Asn Gln Ser

435 440 445

Ile Val Thr Pro Gly Thr Arg Ala Ala Val Asn Asn Gln Gly Ala Leu

450 455 460

Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg Asp Ile Tyr Pro Thr Gly Thr His

465 470 475 480

Leu Ala Lys Ile Pro Asp Thr Asp Asn His Phe His Pro Ser Pro Leu

485 490 495

Ile Gly Arg Phe Gly Cys Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys

500 505 510

Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro Ser Glu Thr Phe Gln Thr Ala Lys

515 520 525

Val Ala Ser Phe Ile Asn Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Cys Thr Val Glu

530 535 540

Ile Phe Trp Glu Leu Lys Lys Glu Thr Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu

545 550 555 560

Ile Gln Phe Thr Ser Asn Phe Gly Asn Ala Ala Asp Ile Gln Phe Ala
565 570 575

Val Ser Asp Thr Gly Ser Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg
580 585 590

Tyr Leu Thr Lys Pro Leu
595

<210> 913

<211> 4694

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 913

tggccagttt ccaagacagg ctcgctcgct cactcgggcc ggggccccaa aggggcccct 60

agcgaccgct tcgcggtcgc ggcccgagtg agcgagcgag cctgtcttgg aaactggcca 120

gcactccggt gaggtaatgc cgtcacgtgg tcgggaatgg gaacgggaaa tctcgcgaga 180

acgtaaacaa atataagacg gcgccacacg gcgctgcgtc atacgcgcgc gcgcaccggc 240

gagatgaggt cgtactacga ggtcatcgtt cagctgccca acgacgtcga gagtcaggta 300

cctggaatct ccgattcgtt cgtcaactgg attacgtcgc gagaatggac gttgcctgag 360

gacgccgatt gggatttgga ccaggtcgat caagttcaac tgacgctcgg cgacaaaatc 420

caacgggaga ttcgaactca ttgggggacg atggccaaag aaccggactt tcactatttt 480

atccaactgg aacaaggtga ggtgttcttt catttacacg tcctgctgga aacgtgttcc 540

gtaaagccga tggtactcgg aagatatatc cgacatattc aacaaaaaat tgtgagtaaa 600

gtctactgcg ccacgagcct acgatggaag gatggatgcg tggtgaccaa gaccaaaaat 660

ttcgggggcg cgaacaaggt ccgggccgag tcgtatattc ccgcctacct gatcccgaaa 720

cagcaaccgg aagtgcagtg ggcgtggact aacgtgcccg agtatataaa agcgtgcttg 780

caccgagaac tgcgtgccag tctcgcgcga cttcacttcg aggaggcggg cgtctcgcaa 840

tccaaggaaa atctcgcgag aactgcagac ggcgctcccg tgatgccgac ccgcgtcagc 900

aaacgctaca tggagctcgt ggattggctc gtggagaagg ggatcaccac cgagaaggaa 960

tggctgctgg aaaacagaga aagctttcgg agctttcagg cctcgagcaa ctcggcgcgt 1020

cagatcaaga cggccctgca aggcgccatt caggagatgc ttctgaccaa gacggcggag 1080

gactacctcg tcggaaagga tcccgtctcg gacgacgaca tccgtcagaa ccgcatctac 1140

aagattctgg aactgaacca ctacgaccca gcgtacgtgg ggagtatttt ggtcgggtgg 1200

tgccagaaga aatggggcaa gcgaaacacg ctgtggctgt tcggacatgc gaccaccggc 1260

aagaccaaca tcgcggaggc tattgcccat gctgtgccgt tctatggatg cgttaactgg 1320

accaacgaga actttccgtt caacgactgc gtcgaaaaaa tgattatctg gtgggaggag 1380

ggcaaaatga ccgccaaagt ggtggaaaca gccaaggcga ttctgggagg atctcgggtg 1440

agagtggacc aaaaatgcaa agcttcggtt ccgatcgaac cgacgccggt cattattacc 1500

agtaacacca acatgtgtta tgtcatcgac gggaacacga ccacgttcga gcataagcag 1560

ccgttggagg acaggatgtt taagctcgaa ttgctgactc ggttgcctga tgactttggt 1620

aaggtgacca aacaggaggt gcgtcaattc ttcaggtggt ctcaggatca cctgacccct 1680

gtgatcccag aattcctagt gcggaaggcg gagtctcgca aaagacccgc cccttccggg 1740

gaaggctata taagcccgac aaagcggccc gcgctcgcag agcagcagca ggcgtcggag 1800

agcgcggacc cggttcccac caggtatcgt atcaaatgct cgaaacattg cggtatggat 1860

aaaatgttgt ttccttgcca aatttgtgaa tcgatgaaca gagatattaa tatttgtgct 1920

attcataaaa cgaccgactg taaagagtgt ttccccgact acggggataa agatgatgta 1980

gaactacccc cctgtacaga acacaacgtg tctcgttgtt atcaatgtca ttcgggcgaa 2040

ttgtatcgcg tgacttcgga ctctgacgag aaacctgccc ccgagagtga tgaaggcacc 2100

gagccatcct atgctccctg cacgattcac cacctgatgg gcaagagtca cgggttagtc 2160

acttgcgcgg cgtgtcggtt gaaaaatagt acgttgcatg atgacttgga tgacggtgat 2220

ctcgaacaat aaatgattga aatgtagcca tgtctctcat ttctgatgcg attccagatt 2280

ggttggagcg gttggtcaaa aagggagtga atgctgcagc tgatttctac catttggaaa 2340

gcggtcctcc tcgtcctaag gcaaatcagc aaactcaaga atctcttgaa aaggacgatt 2400

cgagaggtct cgtgttccca ggctacaatt atctaggccc tttcaacggt ctagataaag 2460

gagaacccgt caacgaggca gacgctgccg ccttagaaca cgacaaggct tacgacctcg 2520

aaatcaagga cgggcacaac ccgtactttg agtacaacga ggccgacaga cgtttccagg 2580

aacgtctcaa agacgatacc tcctttggag gcaatttagg taaagccatc ttccaggcca 2640

aaaagagggt tctcgaaccc tttggtctgg tggaagactc aaagacggct ccgaccggag 2700

acaagcggaa aggcgaagac gaacctcgtt tgcccgacac ttcttcacag actcccaaga 2760

aaaacaagaa gcctcgcaag gaaagacctt ccggcggggc agaagatccg ggcgaaggca 2820

cctcttccaa cgctggagca gcagcacccg cctctagtgt gggatcatct atcatggctg 2880

aaggaggtgg cggcccagtg ggcgatgcag gccagggtgc cgatggagtg ggcaattcct 2940

ccggaaattg gcattgcgat tcccaatggc tggaaaacgg agtcgtcact cgaaccaccc 3000

gaacctgggt cttgcccagc tacaacaacc acctgtacaa acgaatccaa ggacccagcg 3060

gaggcgacaa caacaacaaa ttctttggat tcagcacccc ctggggatac tttgactaca 3120

atcgattcca ctgccacttt tccccgcgag actggcaacg actcatcaac aacaactggg 3180

gcatccgtcc caaagcgatg cgctttagac tctttaacat ccaggttaaa gaggtcacgg 3240

tccaagactt caacaccacc atcggcaaca acctcaccag tacggtccag gtctttgcgg 3300

acaaggacta ccaactgccg tacgtcctcg gatcggctac cgaaggcacc ttcccgccgt 3360

tcccagcgga tatctacacg atcccgcagt acgggtactg cacgctaaac tacaacaacg 3420

aggcggtgga tcgttcggcc ttctactgtc tggactactt tccctcagac atgctgcgga 3480

caggaaataa ctttgagttt acttacacct tcgaggacgt tcctttccat agcatgtttg 3540

cccacaacca gacgctagac cggctgatga atcccctcgt ggatcagtac ctctgggctt 3600

tcagctccgt cagccaagca ggctcatctg gacgagctct tcattactcg cgggcgacta 3660

aaaccaacat ggcggctcaa tataggaact ggttacctgg gcctttcttc cgtgatcagc 3720

aaatctttac gggcgctagc aacatcacta aaaataacgt ctttagcgtt tgggaaaaag 3780

gcaagcaatg ggaactcgac aatcggacca acctaatgca gcccggtcct gcggcagcga 3840

ccacctttag cggagaacct gaccgtcaag ccatgcaaaa cacgctggct tttagcagga 3900

ccgtctacga tcaaacgacc gccacgaccg atcgtaacca gatactcatc accaacgaag 3960

acgaaatcag acccaccaac tcggtcggta tcgacgcgtg gggagcagtt cccaccaaca 4020

accagtcgat cgtgaccccc ggcactcgcg cggccgtcaa caatcaaggg gcgcttcccg 4080

ggatggtgtg gcaaaacaga gacatttacc ctacagggac ccatttggcc aaaattcccg 4140

acactgacaa tcacttccat ccgtccccgc ttattgggcg gtttggctgc aagcatcccc 4200

ctccccagat tttcattaaa aacacacccg tccctgccaa cccttcggaa acgttccaga 4260

cggccaaagt ggcctccttc atcaaccagt actcgaccgg acagtgcacc gtcgaaatct 4320

tttgggaact caagaaggaa acctccaagc gctggaaccc cgaaatccag ttcacctcca 4380

actttggcaa cgcggccgac atccagtttg ccgtctccga cacgggatcc tattccgaac 4440

ctcgtcccat cggtacccgt taccttacca aacctctgta aattaaaccc ttcaataaac 4500

cgtttatgcg taactgtatt tccgtctcct gtcgttattc agtcacatga tgcggcatta 4560

cctcaccgga gtgctggcca gtttccaaga caggctcgct cgctcactcg ggccggggcc 4620

ccaaaggggc ccctagcgac cgcttcgcgg tcgcggcccg agtgagcgag cgagcctgtc 4680

ttggaaactg gcca 4694

<210> 914

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 914

atggctgctg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttc 300

cagcagcggc ttcagggcga cacatcgttt gggggcaacc tcggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttcttga acctcttggt ctggttgagc aagcgggtga gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccgttgat tgaatccccc cagcagcccg actcctccac gggtatcggc 480

aaaaaaggca agcagccggc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcagacgtc ttcatggtgc cacagtatgg atacctcacc 1140

ctgaacaacg ggagtcaggc agtaggacgc tcttcatttt actgcctgga gtactttcct 1200

tctcagatgc tgcgtaccgg aaacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 915

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 915

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 916
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 916
atggcttccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcatccgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca gagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc catttctcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acaccttcga ggacgtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt accggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgtcccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 917

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 917

Met Ala Ser Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Arg Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 918

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 918

atggctgctg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccctac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttc 300

cagcagcggc ttcagggcga cacatcgttt gggggcaacc tcggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttcttga acctcttggt ctggttgagc aagcgggtga gacggctcct 420

ggaaagaaga gaccgttgat tgaatccccc cagcagcccg actcctccac gggtatcggc 480

aaaaaaggca agcagccggc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcagacgtc ttcatggtgc cacagtatgg atacctcacc 1140

ctgaacaacg ggagtcaggc agtaggacgc tcttcatttt actgcctgga gtactttcct 1200

tctcagatgc tgcgtaccgg aaacaacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagt ctggaccgtc tcatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgggggtc tccaactggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ctgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgccatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 919

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 919

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Thr Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 920
<211> 2211
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 920

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg cgctgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcaatcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt cgacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca actggggatt ccggcccaag agactcagct tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgat 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca taaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac attgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtccccagta a 2211

<210> 921

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 921

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Ile Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Gln

725 730 735

<210> 922

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 922

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggatgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac cttcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840
gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900
atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960
gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020
gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080
ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140
ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260
ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320
cagtacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380
ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440
ggaccctgtt accggcagca gtgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500
tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560
ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680
acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ccgaaagatt tgggactgtg 1740
gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 923
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 923

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Cys Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 924

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 924

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gaatggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag tcaaccagca aaagcaggac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac cttcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggacgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg acttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcaaagactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag ttgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt accttcagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccaactggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag aggaaatcaa agccactaac cccgtggcca ctgaaagatt tgggactgtg 1740

gcagtcaatc tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgccatggga 1800

gccttacctg gaatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc tatttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt attccacagg acaagtgagc 2040

gtggagattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 925

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 925

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Val Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Thr Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 926

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (955)..(955)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (971)..(972)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (981)..(981)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (986)..(986)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (1235)..(1235)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (1694)..(1696)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (1698)..(1698)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (1763)..(1765)

<223> a, c, t or g

<

220><221> modified_base

<222> (1778)..(1778)

<223> a, c, t or g

<220><221> modified_base

<222> (2204)..(2204)

<223> a, c, t or g

<400> 926

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gaatggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacccaaag tcaaccagca aaagcaggac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac cttcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggacgagc agtcttccag 360

gccaagaaga gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggtgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcattggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaataaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacntccaa 960

gtcaaggagg nnacgacgaa ngatgncgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc agtgggacgg tcatcctttt actgcctgga atatttccca 1200

tcgcagatgc tgagaacggg caataacttt acctncagct acacttttga ggacgttcct 1260

ttccacagca gctacgctca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

cagtacctgt attacctgaa cagaactcag aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccaactggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaac 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac cttaatgggc gtgaatctat aatcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaggagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagacgaag agannncnaa gccactaacc ccgtggccac tgaaagattt gggactgtgg 1740

cagtcaatct ccaagcagca cannnaccct gcgaccgnag atgtgcatgc catgggagcc 1800

ttacctggaa tggtgtggca agacagagac gtatacctgc agggtcctat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cggatggaca ctttcacccg tctcctctca tgggcggctt tggacttaag 1920

cacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acgcctgttc ctgcgaatcc tccggcagag 1980

ttttcggcta caaagtttgc ttcattcatc acccagtatt ccacaggaca agtgagcgtg 2040

gagattgaat gggagctgca gaaagaaaac agcaaacgct ggaatcccga agtgcagtat 2100

acatctaact atgcaaaatc tgccaacgtt gatttcactg tggacaacaa tggactttat 2160

actgagcctc gccccattgg cacccgttac ctcacccgtc cccngtaa 2208

<210> 927

<211> 723

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 927

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Val Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Thr Thr Asp Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr

325 330 335
Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Leu Gly
340 345 350
Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp Val Phe Met
355 360 365
Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala Val
370 375 380
Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu

385 390 395 400
Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Ser Tyr Thr Phe Glu Asp Val Pro Phe
405 410 415
His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro
420 425 430
Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr Gln Asn Gln Ser
435 440 445
Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser Arg Gly Ser Pro Thr

450 455 460
Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Cys Tyr Arg

465 470 475 480

Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn Asn Asn Ser Asn Phe

485 490 495

Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn Gly Arg Glu Ser Ile

500 505 510

Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys Asp Asp Glu Asp Lys

515 520 525

Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly Lys Glu Ser Ala Gly

530 535 540

Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile Thr Asp Glu Glu Ala

545 550 555 560

Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Leu

565 570 575

Gln Ser Ser Pro Ala Thr Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly

580 585 590

Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala

595 600 605

Lys Ile Pro His Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly

610 615 620

Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr

625 630 635 640

Pro Val Pro Ala Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln

675 680 685

Tyr Thr Ser Asn Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp

690 695 700

Asn Asn Gly Leu Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro

<210> 928

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 928

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctatgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggtc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaagttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggtaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacagacgct ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca agtgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga agttcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 929

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 929

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Lys Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asp Ala Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp

515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Ser Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 930

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 930

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctatgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcaaac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaagttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcgggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggtaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacagacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca agtgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac gaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga agttcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

acagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 931

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 931

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asn Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Lys Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Arg Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445

Asp Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510

Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525

Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Ser Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575

Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720

Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 932

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 932

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacatg ggccttgccc acctataaca accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt cgacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg actttaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaata actggggatt ccggcccaag agactcagct tcaagctctt caacatccag 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgat 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acggacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcactcaat actccacagg acaagtgagc 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaaac gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tatacatcta actatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctcaccc gtcccctgta a 2211

<210> 933

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 933

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 934
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 934

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1               5                  10                  15
Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
            20                  25                  30
Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145                 150                 155                 160
Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
        195                 200                 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
```

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Lys Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asp Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asn Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495

Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Ser Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Gln

725 730 735

<210> 935

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 935

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctatgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggaacgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaagttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggtaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacagacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cggaaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca agtgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga agttcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atcagtaa 2208

<210> 936

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 936

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctatgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg atccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaagttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtatgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggtaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacagacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc aggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca agtgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga agttcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctgtaa 2208

<210> 937

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 937

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Lys Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr

435 440 445

Asp Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Gln

450 455 460

Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly

465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly

500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540
Gln Gly Ser Glu Lys Thr Ser Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr

565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr
580 585 590
Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620
Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 938

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 938

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atgactgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcaactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 939

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 939

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300
gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360
tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420
tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480
tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540
agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600
caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720
acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780
gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840
taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900
aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960
tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020
ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140
atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200
cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260
attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320
caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380
ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440
cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560
gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620
tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680
ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740
acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800
acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggggcttc 1860
ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacgggcgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tggaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 940

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 940

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggactcg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattgac aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcggactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 941

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 941

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcctccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500
ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560
gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620
tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680
ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740
atccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800
acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920
caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980
aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040
aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100
ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccag gtatggtttg 2160
gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220
caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340
gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400
gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460
gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520
tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580
cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 942

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 942

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60
tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120
cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacag ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acctagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100
ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160
gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220
caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280
cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340
gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400
gcagaagaaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaacac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520
tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580
cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 943
<211> 2601
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 943

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60
tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180
tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240
cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300
gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360
tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420
tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480
tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600
caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660
tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720
acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacgg gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 944

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 944

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agtagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

atttcggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 945

<211> 2580

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 945

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct cgggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggaact 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

<210> 946

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 946

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtctttcag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcatgtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 947

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 947

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cgatcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctggagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacgtacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 948

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 948

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgccacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgctg ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacatga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca atgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcctggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc atggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 949

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 949

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 950

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 950

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagcg 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 951

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 951

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcgcgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 952

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 952

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgactgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa attgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccagtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattgcaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 953

<211> 2601

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 953

ccatcgacgt cagacgcgga agcttcgatc aactacgcgg acaggtacca aaacaaatgt 60

tctcgtcacg tgggcatgaa tctgatgctg tttccctgca gacaatgcga gagactgaat 120

cagaattcaa atatctgctt cactcacggt gtcaaagact gtttagagtg ctttcccgtg 180

tcagaatctc aacccgtttc tgtcgtcaaa aaggcgtatc agaaactgtg ctacattcat 240

cacatcatgg gaaaggtgcc agacgcttgc actgcttgcg acctggtcaa tgtggacttg 300

gatgtctgtg tttctgaaca ataaatgact taaaccaggt atggctgccg atggttatct 360

tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc gagtggtggg ctttgaaacc 420

tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac aacgctcgag gtcttgtgct 480

tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgat aaggggggagc cggtcaacgc 540

agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac cagcagctca aggccggaga 600

caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc caggagcggc tcaaagaaga 660

tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag gccaaaaaga ggcttcttga 720

acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct ggaaagaaga ggcctgtaga 780

gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc aaatcgggtg cacagcccgc 840

taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag tcagtcccag accctcaacc 900

aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct cttacaatgg cttcaggtgg 960

tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga gtgggtagtt cctcgggaaa 1020

ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc accaccagca cccgaacctg 1080

ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc tccaacagca catctggagg 1140

atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc tgggggtatt ttgacttcaa 1200

cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga ctcatcaaca acaactgggg 1260

attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt caggtcaaag aggttacgga 1320

caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc acggtccagg tcttcacgga 1380

ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac gagggctgcc tcccgccgtt 1440

cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg acgcttaatg atggaagcca 1500

ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc ccgtcgcaaa tgctaagaac 1560

gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta cctttccata gcagctacgc 1620

tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc gaccaatact tgtactatct 1680

ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg ctaaaattca gtgtggccgg 1740

acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct ggacccagct accgacaaca 1800

acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa tttgcttggc ctagagcttc 1860

ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct ggacctgcta tggccagcca 1920

caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct ttaatttttg gcaaacaagg 1980

aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata accaacgaag aagaaattaa 2040

aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg gccacaaacc accagagtgc 2100

ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga atacttccgg gtatggtttg 2160

gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc aaaattcctc acacggacgg 2220

caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg aagcacccgc ctcctcagat 2280

cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg gccttcaaca aggacaagct 2340

gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc gtggagatcg agtgggagct 2400

gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag tacacttcca actattacaa 2460

gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta tatagtgaac cccgccccat 2520

tggcaccaga tacctgactc gtaatctgta attgcttgtt aatcaataaa ccgtttaatt 2580

cgtttcagtt gaactgcggc c 2601

<210> 954

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 954

Met Thr Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Gln Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 955

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 955

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Gly Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Gly Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 956

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 956

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Asp
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 957

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 957

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Leu Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Ser Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 958

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 958

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Arg Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Lys Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 959

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 959

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Arg Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 960

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 960

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Val Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 961

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 961

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Arg Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 962

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 962

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Cys Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 963

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 963

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Ile Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Tyr Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 964
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 964
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro His Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Asn

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Met Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 965
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 965
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 966
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 966

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Arg Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 967

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 967

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ala Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

```
    450                 455                 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465                 470                 475                 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
        515                 520                 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

    530                 535                 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545                 550                 555                 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
                565                 570                 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
            580                 585                 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

        595                 600                 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
    610                 615                 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625                 630                 635                 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
                645                 650                 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

            660                 665                 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
        675                 680                 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
    690                 695                 700
```

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 968
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 968
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Ile Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Cys Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 969

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 969

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Arg Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 970

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 970

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttcg gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctgggaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 971

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 971

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccgcttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacgcccctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 972

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 972

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcagcgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccgcgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 973

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 973

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac acggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 974
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 974

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60
gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcggctca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtagcaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggcagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

cacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 975

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 975

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaggct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aagccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctccccagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 976

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 976

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgcccgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tggaggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggcct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcggacgtt ttcatgattc ctcagtacgg gtatctgacg 1140

cttaatgatg gaagccaggc cgtgggtcgt tcgtcctttt actgcctgga atatttcccg 1200

tcgcaaatgc taagaacggg taacaacttc cagttcagct acgagtttga gaacgtacct 1260

ttccatagca gctacgctca cagccaaagc ctggaccgac taatgaatcc actcatcgac 1320

caatacttgt actatctctc aaagactatt aacggttctg gacagaatca acaaacgcta 1380

aaattcagtg tggccggacc cagcaacatg gctgtccagg gaagaaacta catacctgga 1440

cccagctacc gacaacaacg tgtctcaacc actgtgactc aaaacaacaa cagcgaattt 1500

gcttggcctg gagcttcttc ttgggctctc aatggacgta atagcttgat gaatcctgga 1560

cctgctatgg ccagccacaa agaaggagag gaccgtttct ttcctttgtc tggatcttta 1620

atttttggca aacaaggaac tggaagagac aacgtggatg cggacaaagt catgataacc 1680

aacgaagaag aaattaaaac tactaacccg gtagcaacgg agtcctatgg acaagtggcc 1740

acaaaccacc agagtgccca agcacaggcg cagaccggct gggttcaaaa ccaaggaata 1800

cttccgggta tggtttggca ggacagagat gtgtacctgc aaggacccat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cggacggcaa ctttcaccct tctccgctga tgggagggtt tggaatgaag 1920

cacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acacctgtac ctgcggatcc tccaacggcc 1980

ttcaacaagg acgagctgaa ctctttcatc acccagtatt ctactggcca agtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaagcgct ggaacccgga gatccagtac 2100

acttccaact attacaagtc taataatgtt gaatttgctg ttaatactga aggtgtatat 2160

agtgaacccc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctg 2205

<210> 977

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 977

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatacctg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gacaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca actggggatt ccggcctaag cgactcaact tcaagctctt caacattcag 960

gtcaaagagg ttacggacaa caatggagtc aagaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gtccaggtct tcacggactc agactatcag ctcccgtacg tgctcgggtc ggctcacgag 1080

ggctgcctcc cgccgttccc agcggacgtt ttcatgattc ctcagtacgg gtatctgacg 1140

cttaatgatg gaagccaggc cgtgggtcgt tcgtcctttt actgcctgga atatttcccg 1200

tcgcaaatgc taagaacggg taacaacttc caattcagct acgagtttga gaacgtacct 1260

ttccatagca gctacgctca cagccaaagc ctggaccgac taatgaatcc actcatcgac 1320

caatacttgt actatctctc aaagactatt aacggttctg gacagaatca acaaacgcta 1380

aaattcagtg tggccggacc cagcaacatg gctgtccagg gaagaaacta catacctgga 1440

cccagctacc gacaacaacg tgtctcaacc actgtgactc aaaacaacaa cagcgaattt 1500

gcttggcctg gagcttcttc ttgggctctc aatggacgta atagcttgat gaatcctgga 1560

cctgctatgg ccagccacaa agaaggagag gaccgtttct ttcctttgtc tggatcttta 1620

atttttggca aacaaggaac tggaagagac aacgtggatg cggacaaagt catgataacc 1680

aacgaagaag aaattaaaac tactaacccg gtagcaacgg agtcctatgg acaagtggcc 1740

acaaaccacc agagtgccca agcacaggcg cagaccggct gggttcaaaa ccaaggaata 1800

cttccgggta tggtttggca ggacagagat gtgtacctgc aaggacccat ttgggccaaa 1860

attcctcaca cggacggcaa ctttcaccct tctccgctga tgggagggtt tggaatgaag 1920

cacccgcctc ctcagatcct catcaaaaac acacctgtac ctgcggatcc tccaacggcc 1980

ttcaacaagg acaagctgaa ctctttcatc acccagtatt ctactggcca agtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaagcgct ggaacccgga gatccagtac 2100

acttccaact attacaagtc taataatgtt gaatttgctg ttaatactga aggtgtatat 2160

agtgaacccc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctg 2205

<210> 978

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 978

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagccatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgaca 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 979

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 979

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaatgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

accaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg gctcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 980

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 980

atggctgccg atggttattt tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa tctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatctc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgctg tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 981

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 981

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ccggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagcg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 982
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 982

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60
gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcggg gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ccggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcggcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 983

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 983

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacctgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 984

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 984

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caagaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 985

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<220><221> modified_base
<222> (1325)..(1325)
<223> a, c, t, g, unknown or other
<400> 985

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaccagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccnatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg atatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 986

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 986

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgcactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcta caaagaagga gaggacagtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagac cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 987
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 987

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttcg gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980
gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctgggaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 988
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 988
atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60
gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaggg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agccgacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540
tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactgt cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaacgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccca tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 989

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 989

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatacccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taagaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccacccatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatggtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 990

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 990

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ccggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 991

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 991

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcagccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc aattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccggcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaag aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 992

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 992

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac agataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggtaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtatcggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagaccg tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtggac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 993

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 993

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 994

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 994

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acgtcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggagg caacccgtgc ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
agatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaaggcca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attgacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatggatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacgggcgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 995

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 995

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gcctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 996
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 996

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatacctg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacaacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcctcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgagatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctacta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 997

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 997

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg tgcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcacga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tgggccccga tacctgactc gtaatttt 2208

<210> 998

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 998

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacaacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgagatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 999

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 999

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aagggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcgagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagtcca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgcctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaaggg gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1000

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1000

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatatcttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccccccagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcggaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attagcggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa cagcagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atactttcgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1001

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1001

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1002

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1002

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1003
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1003

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatatcttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcgacta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcgg 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcagggcaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1004

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1004

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtgca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1005

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1005

atggctgccg atggttatcc tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccgggga caacccgcac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcccgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taagaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacactgag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaggct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1006

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1006

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcggaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagttt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1007

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1007

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatatcttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acttacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcaccaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatatc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1008

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1008

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300
caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420
ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480
aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600
cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660
gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720
accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140
acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttta gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560
ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttctg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcgaacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttgaaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1009

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1009

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatag cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcgaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct tttcaacatt 960

cgggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcaccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgcttgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcgaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1010

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1010

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120
aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaatacttg gacccggcaa cggactcgac 180
aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggcg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

ccagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcgggc gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgcga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1011

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1011

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgggttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag tccctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg agctggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1012

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (377)..(377)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 1012

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagaggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcntga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcggggaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcccggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggagtg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1013

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1013

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acctcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800

atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920

aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct gaactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040

gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggagatccag 2100

tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160

tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1014

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1014

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctggggga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780
tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840
tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900
ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960
caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020
acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080
gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200
ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260
cctttccata gcagctacgc tcacagccag agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320
gaccaatact tgtactatct ctcaaagact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380
ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440
ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500
tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620
ttaatttttg gcaaacaagg aactggaaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680
accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740
gccacaaacc accagagtgc ccaagcacag gcgcagaccg gctgggttca aaaccaagga 1800
atacttccgg gtatggtttg gcaggacaga gatgtgtacc tgcaaggacc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggacgg caactttcac ccttctccgc tgatgggagg gtttggaatg 1920
aagcacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacacctg tacctgcgga tcctccaacg 1980

gccttcaaca aggacaagct ggactctttc atcacccagt attctactgg ccaagtcagc 2040
gtggagatcg agtgggagct gcagaaggaa aacagcaagc gctggaaccc ggtgatccag 2100
tacacttcca actattacaa gtctaataat gttgaatttg ctgttaatac tgaaggtgta 2160
tatagtgaac cccgccccat tggcaccaga tacctgactc gtaatctg 2208

<210> 1015
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1015

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtggggcct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgtcgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtt acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800
gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920
aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980
gagttttcag ccacaaagct tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100
tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1016

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1016

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180
aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagagac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600
actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840
gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcgttc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1017

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1017

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ccgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgggg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tcccatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1018

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1018

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacgacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgcgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggcc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acggacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1019

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1019

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cggctcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc acttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tcccatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg ggagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgacttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1020

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1020

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccgcaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgctg tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1021

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1021

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcaactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcac cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccgac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1022

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1022

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caagagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccgcaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cctccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ccacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgacgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1023

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1023

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca agagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc acttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctacggga 1800

acattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa accacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacga caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1024

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1024

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcta caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacga caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1025

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1025

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagctccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagcgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcgaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccgt tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1026

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1026

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccatac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaaa tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cactttccac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgtcgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggtccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1027

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1027

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc acgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgggc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1028

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1028

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg ccccaggaaa ttggcattgc gactccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcacagcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acaggcgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1029

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1029

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cagactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaggaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcgcca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcggccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatatagc ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gggcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgccatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1030

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1030

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcgg cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaactct accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

acattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1031

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1031

atggctgccg atggttatct cccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcagcgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaagagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ccaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1032

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1032

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aagcccaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctctcggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg atccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaaactctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa tgatggcgtc acaaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggactc ggagtaccag cttccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcaatacgg ctacctgacg 1140

ctcaacaatg gcagccaagc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaacactg cattggacaa tgtcatgatt 1680

acagacgaag gggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cctgcgaccg gagatgtgca tgctatggga 1800

gcattacctg gcatggtgtg gcaagataga gacgtgtacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacagatgg acactttcac ccgtctcctc ttatgggcgg ctttggactc 1920

aagaacccgc ctcctcagat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggcg 1980

gagttttcag ctacaaagtt tgcttcattc atcacccaat actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttta ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccctg 2208

<210> 1033

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1033

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg tttatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcccgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag caacacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1034

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1034

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tacaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cgacacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1035

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1035

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcagggc 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccaaca ctcgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gttacgggca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatct tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtttgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1036

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1036

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccaaca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaatg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgcggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1037

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1037

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacgggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc acttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtccgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1038

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (305)..(305)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 1038

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggngcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcgg cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggccacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgtcccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaaca 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac aaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag caacacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1039

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1039

atggctgccg atggttattt tccagattgg ctcgaggaca acctttctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aggacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcga cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg tgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcccagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatagtgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1040

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1040

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaacc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc actttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagactacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1041

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1041

atggctgccg atggttatcc tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagtcccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1042

<211> 2196

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1042

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagcct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

ccatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt tacctt 2196

<210> 1043

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1043

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag cacccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740
gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860
aaaattcctc acacggatgg acactctcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920
aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980
gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040
gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160
tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1044
<211> 2208
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1044

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60
gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120
gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240
cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300
caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360
gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420
ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480
aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540
tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660
gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780
tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

ctatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggaact tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1045

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1045

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca gcctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacaggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacgatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

cccaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caataccagt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtctgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1046

<211> 2208

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1046

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctctctga gggcattcgc 60

gagtggtggg acttgaaacc tggagccccg aaacctaaag ccaaccagca aaagcaggac 120

gacggccggg gtctggtgct tcctggctac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aaggggggagc ccgtcaacgc ggcggacgca gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aagcgggtga caatccgtac ctgcggtata accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc tgcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaagaagc gggttctcga acctttttggt ctggttgagg aaggcgctaa gacggctcct 420

ggaaagaaac gtccggtaga gcagtcgcca caagagccag actcctcctc gggcatcggc 480

aagacgggcc agcagcccgc taaaaagaga ctcaattttg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtccccg acccacaacc tctcggagaa cctccagcaa cccccgctgc tgtgggacct 600

actacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaagg cgccgacgga 660

gtgggtaatg cctcaggaaa ttggcattgc gattccacat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgcacctg ggccttgccc acctacaata accacctcta caagcaaatc 780

tccagtgctt caacgggggc cagcaacgac aaccactact tcggctacag caccccctgg 840

gggtattttg atttcaacag attccactgc cacttttcac cacgtgactg gcagcgactc 900

atcaacaaca attggggatt ccggcccaag agactcaact tcaagctctt caacatccaa 960

gtcaaggagg tcacgacgaa cgatggcgtc acgaccatcg ctaataacct taccagcacg 1020

gttcaagtct tctcggattc agagtaccaa ctgccgtacg tcctcggctc tgcgcaccag 1080

ggctgcctcc ctccgttccc ggcggacgtg ttcatgattc cgcagtacgg ctacctaacg 1140

ctcaacaatg gcagccaggc cgtgggacgt tcatcctttt actgcctgga atatttccct 1200

tctcagatgc tgagaacggg caacaacttt accttcagct acacctttga ggaagtgcct 1260

ttccacagca gctacgcgca cagccagagc ctggaccggc tgatgaatcc tctcatcgac 1320

caatacctgt attacctgaa cagaactcaa aatcagtccg gaagtgccca aaacaaggac 1380

ttgctgttta gccgtgggtc tccagctggc atgtccgttc agcccaaaaa ctggctacct 1440

ggaccctgtt atcggcagca gcgcgtttct aaaacaaaaa cagacaacaa caacagcaat 1500

tttacctgga ctggtgcttc aaaatataac ctcaatgggc gtgaatccat catcaaccct 1560

ggcactgcta tggcctcaca caaagacgac gaagacaagt tctttcccat gagcggtgtc 1620

atgatttttg gaaaagagag cgccggagct tcaaatactg cattggacaa tgtcatgatc 1680

acagatgaag aggaaattaa agccactaac cctgtggcca ccgaaagatt tgggaccgtg 1740

gcagtcaatt tccagagcag cagcacagac cccgcgaccg gagatgtgca tgttatggga 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagacaga gacgtatacc tgcagggtcc catttgggcc 1860

aaaattcctc acacggatgg acactttcac ccgtctcctc tcatgggcgg ctttggactt 1920

aagcacccgc ctcctcaaat cctcatcaaa aacacgcctg ttcctgcgaa tcctccggca 1980

gagttttcgg ctacaaagtt tgcttcattc atcacccagt actccacagg acaagtgagt 2040

gtggaaattg aatgggagct gcagaaagaa aacagcaagc gctggaatcc cgaagtgcag 2100

tacacatcca attatgcaaa atctgccaac gttgatttca ctgtggacaa caatggactt 2160

tatactgagc ctcgccccat tggcacccgt taccttaccc gtcccttg 2208

<210> 1047

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1047

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca ctctctctga aggaataaga 60

cagtggtgga agctcaaacc tggcccacca ccaccaaagc ccgcagagcg gcataaggac 120

gacagcaggg gtcttgtgct tcctgggtac aagtacctcg gacccttcaa cggactcgac 180

aagggagagc cggtcaacga ggcagacgcc gcggccctcg agcacgacaa agcctacgac 240

cggcagctcg acagcggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgcggagttt 300

caggagcgcc ttaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcggacgagc agtcttccag 360

gcgaaaaaga gggttcttga acctctgggc ctggttgagg aacctgttaa gacggctccg 420

ggaaaaaaga ggccggtaga gcactctcct gtggagccag actcctcctc gggaaccgga 480

aaggcgggcc agcagcctgc aagaaaaaga ttgaattttg gtcagactgg agacgcagac 540

tcagtacctg acccccagcc tctcggacag ccaccagcag ccccctctgg tctgggaact 600

aatacgatgg ctacaggcag tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg cgccgacgga 660

gtgggtaatt cctcgggaaa ttggcattgc gattccacat ggatgggcga cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca accacctcta caaacaaatt 780

tccagccaat caggagcctc gaacgacaat cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact tcaacagatt ccactgccac ttttcaccac gtgactggca aagactcatc 900

aacaacaact ggggattccg acccaagaga ctcaacttca agctctttaa cattcaagtc 960

aaagaggtca cgcagaatga cggtacgacg acgattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caggtgttta ctgactcgga gtaccagctc ccgtacgtcc tcggctcggc gcatcaagga 1080

tgcctcccgc cgttcccagc agacgtcttc atggtgccac agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggga gtcaggcagt aggacgctct tcattttact gcctggagta ctttccttct 1200

cagatgctgc gtaccggaaa caactttacc ttcagctaca cttttgagga cgttcctttc 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtctg gaccgtctca tgaatcctct catcgaccag 1320

tacctgtatt acttgagcag aacaaacact ccaagtggaa ccaccacgca gtcaaggctt 1380

cagttttctc gggccggagc gagtgacatt cgggaccagt ctaggaactg gcttcctgga 1440

ccctgttacc gccagcagcg agtatcaaag acatctgcgg ataacaacaa cagtgaatac 1500

tcgtggactg gagctaccaa gtaccacctc aatggcagag actctctggt gaatccgggc 1560

ccggccatgg caagccacaa ggacgatgaa gaaaagtttt ttcctcagag cggggttctc 1620

atctttggga agcaaggctc agagaaaaca aatgtggaca ttgaaaaggt catgattaca 1680

gacgaagagg aaatcaggac aaccaatccc gtggctacgg agcagtatgg ttctgtatct 1740

accaacctcc agagaggcaa cagacaagca gctaccgcag atgtcaacac acaaggcgtt 1800

cttccaggca tggtctggca ggacagagat gtgtaccttc aggggcccat ctgggcaaag 1860

attccacaca cggacggaca ttttcacccc tctcccctca tgggtggatt cggacttaaa 1920

caccctcctc cacagattct catcaagaac accccggtac ctgcgaatcc ttcgaccacc 1980

ttcagtgcgg caaagtttgc ttccttcatc acacagtact ccacgggaca ggtcagcgtg 2040

gagatcgagt gggagctgca gaaggaaaac agcaaacgct ggaatcccga aattcagtac 2100

acttccaact acaacaagtc tgttaatgtg gactttactg tggacactaa tggcgtgtat 2160

tcagagcctc gccccattgg caccagatac ctgactcgta atctg 2205

<210> 1048

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1048

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Asp Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Val Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Gly Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Pro

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1049

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1049

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Arg Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Ile Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Leu Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1050
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1050
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Ser Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Ser Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Ser Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asp Val Asp Ala Asp Lys Val Ile Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1051
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1051
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Gly Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Gly Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Val

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gly Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Ser Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1052
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1052

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Val

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser His Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly His Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525
Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Gly Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1053

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1053

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn Arg Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Pro Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

```
    450                 455                 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465                 470                 475                 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys
        515                 520                 525
Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

    530                 535                 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545                 550                 555                 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
                565                 570                 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
            580                 585                 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

        595                 600                 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
    610                 615                 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625                 630                 635                 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
                645                 650                 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

            660                 665                 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
        675                 680                 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
    690                 695                 700
```

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1054

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1054

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1055

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1055

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1056

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1056

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Leu Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Lys Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1057

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1057

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Thr Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1058

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1058

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Gly Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asp Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1059

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1059

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys Arg Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Ala Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1060

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1060

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Ser Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1061
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1061
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Thr Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735
<210> 1062
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1062
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Ser Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Ala Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln His Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1063

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1063

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Arg Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Ser Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1064

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1064

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Arg Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Ala Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe

405 410 415

Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys

435 440 445

Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu

515 520 525

Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr

565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr

580 585 590

Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp

645 650 655

Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Glu Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1065

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1065

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Asp Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu Phe

405 410 415

Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Lys

435 440 445

Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser Val

450 455 460

Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro Gly

465 470 475 480

Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn Asn

485 490 495

Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn Gly

500 505 510

Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Glu

515 520 525

Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly Lys

530 535 540

Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile Thr

545 550 555 560

Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser Tyr

565 570 575

Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln Thr

580 585 590

Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp
645 650 655
Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685
Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1066
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1066
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Ala Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Thr

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1067
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1067
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Thr Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Gly Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1068
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1068

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Phe Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Ser Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Leu

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Val Ala Ser His Lys

515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 1069

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1069

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Pro Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

```
    450                 455                 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465                 470                 475                 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
        515                 520                 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

    530                 535                 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545                 550                 555                 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
                565                 570                 575
Tyr Gly Gln Ala Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
            580                 585                 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

        595                 600                 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
    610                 615                 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625                 630                 635                 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
                645                 650                 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

            660                 665                 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
        675                 680                 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
    690                 695                 700
```

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1070

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1070

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Pro Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Arg Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1071
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1071
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Leu Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1072

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1072

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735
<210> 1073
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><221> MOD_RES
<222> (442)..(442)
<223> Any amino acid
<400> 1073

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
    50                  55                  60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
        115                 120                 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145                 150                 155                 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
```

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Thr Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Xaa Tyr Leu His Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Asp Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1074

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1074

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu His Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

```
    450                 455                 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465                 470                 475                 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser Tyr Lys
        515                 520                 525
Glu Gly Glu Asp Ser Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
    530                 535                 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545                 550                 555                 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
                565                 570                 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
            580                 585                 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
        595                 600                 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
    610                 615                 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625                 630                 635                 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Thr Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
                645                 650                 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
            660                 665                 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
        675                 680                 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
    690                 695                 700
```

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1075
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1075
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Gly Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asp Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1076

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1076

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Arg Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Cys Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Thr Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

His Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1077

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1077

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Pro Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Gly Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1078

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1078

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Arg Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1079

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1079

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asn Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Gly Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1080

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1080

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Arg Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Val Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Gly Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1081

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1081

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1082

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1082

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Arg Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Gly Asn Pro Cys Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Arg Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Ala Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asp Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asp Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Gly Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1083

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1083

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Pro Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1084

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1084

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asn Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Pro Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Arg Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Thr Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1085

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1085

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Val His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Thr Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Pro Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Phe
725 730 735

<210> 1086

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1086

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asn Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Arg Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1087

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1087

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Glu Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Ser Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Ala Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1088

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1088

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Pro Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Ser Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Ser Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Ser Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1089

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1089

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1090

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1090

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1091

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1091

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Asp Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Gly Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1092

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1092

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Cys Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1093

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1093

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Pro Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro His Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Arg Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1094

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1094

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1095

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1095

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Thr Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Ile
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1096

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1096

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Ser Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asn Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Glu Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1097

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1097

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Ile Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Arg Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Arg Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Thr Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Arg Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1098

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1098

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Pro Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Gly Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Ala Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1099

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1099

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Gly Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Val Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Ala Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1100

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><221> MOD_RES

<222> (126)..(126)

<223> Any amino acid

<400> 1100

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Arg Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Xaa Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320
Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365
Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380
Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Pro
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Val

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1101

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1101

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Leu Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445
Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val

705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1102

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1102

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Lys Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln

580 585 590

Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asp Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Val Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1103
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1103
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Val Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Leu Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1104
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1104
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Arg Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1105
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1105

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Pro Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Gly Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Pro Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1106

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1106

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Arg Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Pro Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1107

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1107

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Gly Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Pro Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1108

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1108

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Val Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1109

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1109

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Gln Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Thr Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asp Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1110

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1110

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Pro Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly His Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Thr Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735
<210> 1111
<211> 736
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1111

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Glu Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Thr Gly Thr Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Thr Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asp Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1112

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1112

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Leu Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asp Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1113

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1113

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Ala Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Val Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1114
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1114
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asn Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Pro Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Ser Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735
<210> 1115
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1115
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Thr Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Gly Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1116

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1116

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Pro Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Gly Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1117

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1117

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Arg Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Arg Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Gly Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Ser Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Gly Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Ala Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1118

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1118

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Gly Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Ser Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Thr Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1119
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1119
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Ser Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Glu Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1120
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1120
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Gly Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Ala Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640
Lys Asn Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1121
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1121

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Pro Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Asn Thr Asp Pro Ala

580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1122

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1122

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

```
    450                 455                 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465                 470                 475                 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
        515                 520                 525
Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

    530                 535                 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545                 550                 555                 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
                565                 570                 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Asp Thr Asp Pro Ala
            580                 585                 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

        595                 600                 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
    610                 615                 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625                 630                 635                 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
                645                 650                 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

            660                 665                 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
        675                 680                 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
    690                 695                 700
```

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1123

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1123

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Gly Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Asn Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Gly His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Leu Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Phe Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1124

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1124

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Asn Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Met Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Ala Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1125

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1125

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1126

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><221> MOD_RES

<222> (102)..(102)

<223> Any amino acid

<400> 1126

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Xaa Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Gly Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His

260 265 270

Tyr Phe Gly His Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe

275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn

290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln

305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn

325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro

340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Ser Pro Ala

355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly

370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro

385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe

405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp

420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg

435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro

465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Lys Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Asn Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1127

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1127

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Phe Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Arg Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser

```
    450                 455                 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465                 470                 475                 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
                485                 490                 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
            500                 505                 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
        515                 520                 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
    530                 535                 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545                 550                 555                 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
                565                 570                 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Pro Asp Pro Ala
            580                 585                 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
        595                 600                 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
    610                 615                 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625                 630                 635                 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
                645                 650                 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
            660                 665                 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
        675                 680                 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
    690                 695                 700
```

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1128
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1128
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Thr Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Tyr
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1129

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1129

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Pro Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Val Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu
725 730 735

<210> 1130

<211> 732

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1130

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Ala Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Pro Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
725 730

<210> 1131

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1131

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg

565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala

580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln

595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly His Ser His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1132

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1132

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270
Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335
Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380
Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400
Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Leu Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Ser Ala Gly Thr Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu
705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1133

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1133

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Ser Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160

Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285

His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300

Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320

Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350

Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365

Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Pro Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415

Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430

Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Gln Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445

Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575

Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590
Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1134

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1134

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Asp Leu Lys Pro Gly Ala Pro Lys Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln Lys Gln Asp Asp Gly Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Arg Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro

115 120 125

Phe Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Thr Gly Gln Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Thr Pro Ala Ala Val Gly Pro Thr Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Ala Ser Thr Gly Ala Ser Asn Asp Asn His
260 265 270

Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe
275 280 285
His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn
290 295 300
Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln
305 310 315 320
Val Lys Glu Val Thr Thr Asn Asp Gly Val Thr Thr Ile Ala Asn Asn
325 330 335

Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Ser Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro
340 345 350
Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala
355 360 365
Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly
370 375 380

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro
385 390 395 400

Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe
405 410 415
Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp
420 425 430
Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg
435 440 445
Thr Gln Asn Gln Ser Gly Ser Ala Gln Asn Lys Asp Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Arg Gly Ser Pro Ala Gly Met Ser Val Gln Pro Lys Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Lys Thr Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Thr Trp Thr Gly Ala Ser Lys Tyr Asn Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Glu Ser Ile Ile Asn Pro Gly Thr Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Asp Lys Phe Phe Pro Met Ser Gly Val Met Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Ser Ala Gly Ala Ser Asn Thr Ala Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Lys Ala Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Arg
565 570 575
Phe Gly Thr Val Ala Val Asn Phe Gln Ser Ser Ser Thr Asp Pro Ala
580 585 590

Thr Gly Asp Val His Val Met Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala

645 650 655

Asn Pro Pro Ala Glu Phe Ser Ala Thr Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr

660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Tyr Thr Ser Asn

690 695 700

Tyr Ala Lys Ser Ala Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Asn Asn Gly Leu

705 710 715 720

Tyr Thr Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Pro Leu

725 730 735

<210> 1135

<211> 735

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1135

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Thr Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Gln Trp Trp Lys Leu Lys Pro Gly Pro Pro Pro Pro

20 25 30

Lys Pro Ala Glu Arg His Lys Asp Asp Ser Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Phe Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Arg Gln Leu Asp Ser Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Pro Val Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu His Ser Pro Val Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Thr Gly
145 150 155 160

Lys Ala Gly Gln Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ala Asp Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Gln Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Leu Gly Thr Asn Thr Met Ala Thr Gly Ser Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Thr Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr
435 440 445
Asn Thr Pro Ser Gly Thr Thr Thr Gln Ser Arg Leu Gln Phe Ser Arg
450 455 460
Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro Gly
465 470 475 480

Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Lys Thr Ser Ala Asp Asn Asn
485 490 495
Asn Ser Glu Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Thr Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Gln Gly Ser Glu Lys Thr Asn Val Asp Ile Glu Lys Val Met Ile Thr
545 550 555 560
Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Ser Val Ser Thr Asn Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

580 585 590

Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp

595 600 605

Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr

610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys

625 630 635 640

His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn

645 650 655

Pro Ser Thr Thr Phe Ser Ala Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln

660 665 670

Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys

675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr

690 695 700

Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr

705 710 715 720

Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

725 730 735

<210> 1136

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1136

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgcctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcccggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcaccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 1137

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1137

atggctgctg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actgttgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcaactc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 1138

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1138

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720
accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780
tccggccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840
tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900
aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960
aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020
caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140
aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200
cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260
cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320
tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380
ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440
gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acggcaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560
ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620
ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680
acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagtg tggaactgtg 1740
gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860
aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980
actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040
gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100
tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160
tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 1139

<211> 2212

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<220><221> modified_base
<222> (1283)..(1283)
<223> a, c, t, g, unknown or other
<400> 1139

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gaccgggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg gagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca gccatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtc 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgccttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacggcagct acgctcacag ccngagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagacttttc aaagactgct aacgacaaca acaacagtaa 1500

ctttccttgg acagcggcca gcaaatatca tctcaatggc cgcgactcgc tggtgaatcc 1560

aggaccagct atggccagtc acaaggacga tgaagaaaaa ttttttccta tgcacggcaa 1620

tctaatattt ggcaaagaag ggacaacggc aagtaacgca gaattagata atgtaatgat 1680

tacggatgaa gaagagattc gtaccaccaa tcctgtggca acagagcagt atggaactgt 1740

ggcaaataac ttgcagagct caaatacagc tcccacgact agaactgtca atgatcaggg 1800

ggccttacct ggcatggtgt ggcaagatcg tgacgtgtac cttcaaggac ctatctgggc 1860

aaagattcct cacacggatg gacactttca tccttctcct ctgatgggag gctttggact 1920

gaaacatccg cctcctcaaa tcatgatcaa aaatactccg gtaccggcaa atcctccgac 1980

gactttcagc ccggccaagt ttgcttcatt tatcactcag tactccactg gacaggtcag 2040

cgtggaaatt gagtgggagc tacagaaaga aaacagcaaa cgttggaatc cagagattca 2100

gtacacttcc aactacaaca agtctgttaa tgtggacttt actgtagaca ctaatggtgt 2160

ttatagtgaa cctcgcccta ttggaacccg gtatctcaca cgaaactcgt aa 2212

<210> 1140

<211> 2212

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1140

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg gagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcttgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca gccatctcta caagcaaatc 780

tccggccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccctggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatccc 1560

aggaccagct atggccagtc acaaggacga tgaagaaaaa tttttcccta tgcacggcaa 1620

tctaatattt ggcaaagaag ggacaacggc aagtaacgca gaattagata atgtaatgat 1680

tacggatgaa gaagagattc gtaccaccaa tcctgtggca acagagcagt atggaactgt 1740

ggcaaataac ttgcagagct caaatacagc tcccacgact agaactgtca atgatcaggg 1800

ggccttacct ggcatggtgt ggcaagatcg tgacgtgtac cttcaaggac ctatctgggc 1860

aaagattcct cacacggatg gacactttca tccttctcct ctgatgggag gctttggact 1920

gaaacatccg cctcctcaaa tcatgatcaa aaatactccg gtaccggcaa atcctccgac 1980

gactttcagc ccggccaagt ttgcttcatt tatcactcag tactccactg gacaggtcag 2040

cgtggaaatt gagtgggagc tacagaaaga aaacagcaaa cgttggaatc cagagattca 2100

gtacacttcc aactacaaca agtctgttaa tgtggacttt actgtagaca ctaatggtgt 2160

ttatagtgaa cctcgcccta ttggaacccg gtatctcaca cgaaacttgt aa 2212

<210> 1141

<211> 2212

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1141

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

gaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtgc ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tagcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tggatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaaggacga tgaagaaaaa tttttcccta tgcacggcaa 1620

tctaatattt ggcaaagaag ggacaacggc aagtaacgca gaattagata atgtaatgat 1680

tacggatgaa gaagagattc gtaccaccaa tcctgtggca acagagcagt atggaactgt 1740

ggcaaataac ttgcagagct caaatacagc tcccacgact agaactgtca atgatcaggg 1800

ggccttacct ggcatggtgt ggcaagatcg tgacgtgtac cttcaaggac ctatctgggc 1860

aaagattcct cacacggatg gacactttca tccttctcct ctgatgggag gctttggact 1920

gaaacatccg cctcctcaaa tcatgatcaa aaatactccg gtaccggcaa atcctccgac 1980

gactttcagc ccggccaagt ttgcttcatt tatcactcag tactccactg gacaggtcag 2040

cgtggaaatt gagtgggagc tacagaaaga aaacagcaaa cgttggaatc cagagattca 2100

gtacacttcc aactacaaca agtctgttaa tgtggacttt actgtagaca ctaatggtgt 2160

ttatagtgaa cctcgcccta ttggaacccg gtatctcaca cgaaacctgt aa 2212

<210> 1142

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1142

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

gaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcaa cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 1143

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1143

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

gaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcggaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagtgcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 1144

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1144

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaagg ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgt tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagttcg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgaa cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 1145

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1145

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

gaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg gagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca gccacctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 1146

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1146

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg gagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca gccatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggt 840

attttgactt taacagattc cactgccact tctcaccacg tgactggcag cgactcatta 900

acaacaactg gggattccgg cccaagaaac tcagcttcaa gctcttcaac atccaagtta 960

aagaggtcac gcagaacgat ggcacgacga ctattgccaa taaccttacc agcacggttc 1020

aagtgtttac ggactcggag tatcagctcc cgtacgtgct cgggtcggcg caccaaggct 1080

gtctcccgcc gtttccagcg gacgccttca tggtccctca gtatggatac ctcaccctga 1140

acaacggaag tcaagcggtg ggacgctcat ccttttactg cctggagtac ttcccttcgc 1200

agatgctaag gactggaaat aacttccaat tcagctatac cctcgaggat gtacctttc 1260

acagcagcta cgctcacagc cagagtttgg atcgcttgat gaatcctctt attgatcagt 1320

atctgtacta cctgaacaga acgcaaggaa caacctctgg aacaaccaac caatcacggc 1380

tgctttttag ccaggctggg cctcagtcta tgtctttgca ggccagaaat tggctacctg 1440

ggccctgcta ccggcaacag agactttcaa agactgctaa cgacaacaac aacagtaact 1500

ttccttggac agcggccagc aaatatcatc tcaatggccg cgactcgctg gtgaatccag 1560

gaccagctat ggccagtcac aaaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagatag tgtaatgatt 1680
acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740
gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800
gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860
aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920
aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980
actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100
tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160
tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 1147

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1147

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaggg cgttcgagag 60
tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180
ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240
cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300
cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360
aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420
aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480
aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggacccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600
actggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660
gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720
tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acctttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgctacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 1148

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1148

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttcttac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcgt gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcgacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 1149

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1149

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacgag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgctacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 1150

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1150

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acggaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattccc caccccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggcgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 1151

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1151

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctaccgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 1152

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1152

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttca gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc ccttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ccggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaata actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctccttttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320

tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380

cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440

cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500

ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgcccg gacccccgga 1560

cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620

gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740

ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800

cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860

cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920

ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc gacgaccttc 1980

agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040

attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160

gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205

<210> 1153

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1153

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaggctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cggaggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1154

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1154

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atcctccggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140
gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgcta gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaa 2175

<210> 1155
<211> 2175
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1155
atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgaca ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagagc 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1156

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1156

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ctgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg tccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgccgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtgca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctattggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1157

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1157

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacaccga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggcg cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1158

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1158

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacggggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagcgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1159

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1159

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttactagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggaggggggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaag cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1160

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1160

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg tccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

gagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctattggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1161

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1161

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacagcgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accgccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1162

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1162

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ctgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600
ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840
cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900
tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960
accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020
ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080
tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200
aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260
cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320
acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatgacc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtaccccc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacagg accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1163

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1163

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcctctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380
tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440
gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500
agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560
tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620
acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680
gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat gaagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100
tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1164

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1164

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaggcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180
ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca ccccgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1165

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1165

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

cacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gtcgaacggc atgaccaaca acctccgggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1166

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1166

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca gcgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

acgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cagactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1167

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1167

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc gcgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggcg gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatac caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1168

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1168

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggtagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcggca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatgggggа cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggggcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccctcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1169

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1169

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgagccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccа gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatgcaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1170

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1170

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatcct caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtgggccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac gagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggc caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1171

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1171

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg cctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accatcatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgcccccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1172

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1172

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcctc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaa 2175

<210> 1173
<211> 2175
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1173

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg ccaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcgggcgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720
ggctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataata ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1174

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1174

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

ttttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagcctccca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccgcc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1175

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1175

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gccgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgcgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1176

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1176

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagcctccca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1177

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1177

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

ttttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagcctccca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgccgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt cgccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1178

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1178

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgcgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccа gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1179

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1179

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gctgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag ccaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aaccttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggtgcaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740
gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800
gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860
tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920
acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980
cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040
aagaggtgga acccggagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160
acccgacccc tttaa 2175

<210> 1180
<211> 2175
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1180

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420
ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480
aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540
ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660
gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720
agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aggcaacgcc 780
aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgggactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgcgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa gggaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1181

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1181

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

ttttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac gtccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggtgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1182

<211> 2175

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<220><221> modified_base

<222> (1652)..(1652)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 1182

atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60

tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120

gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240

cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300

gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360

aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg cccggaccga ggaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag cacccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctct tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcagcat gctcatcacc ancgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgaccccca gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaa 2175

<210> 1183

<211> 2211

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1183

atggctgctg acggttatct tccagattgg ctcgaggaca acctttctga aggcattcgt 60

gagtggtggg ctctgaaacc tggagtccct caacccaaag cgaaccaaca acaccaggac 120

aaccgtcggg gtcttgtgct tccgggttac aaatacctcg gacccggtaa cggactcgac 180

aaaggagagc cggtcaacga ggcggacgcg gcagccctcg aacacgacaa agcttacgac 240

cagcagctca aggccggtga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttt 300

caggagcgtc ttcaagaaga tacgtctttt gggggcaacc ttggcagagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggatccttga gcctcttggt ctggttgagg aagcagctaa aacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga tcagtctcct caggaaccgg actcatcatc tggtgttggc 480

aaatcgggca aacagcctgc cagaaaaaga ctaaatttcg gtcagactgg cgactcagag 540

tcagtcccag accctcaacc tctcggagaa ccaccagcag cccccacaag tttgggatct 600

aatacaatgg cttcaggcgg tggcgcacca atggcagaca ataacgaggg tgccgatgga 660

gtgggtaatt cctcaggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggcga cagagtcatc 720

accaccagca ccagaacctg ggccctgccc acttacaaca accatctcta caagcaaatc 780

tccagccaat caggagcttc aaacgacaac cactactttg gctacagcac cccttggggg 840

tattttgact ttaacagatt ccactgccac ttctcaccac gtgactggca gcgactcatt 900

aacaacaact ggggattccg gcccaagaaa ctcagcttca agctcttcaa catccaagtt 960

aaagaggtca cgcagaacga tggcacgacg actattgcca ataaccttac cagcacggtt 1020

caagtgttta cggactcgga gtatcagctc ccgtacgtgc tcgggtcggc gcaccaaggc 1080

tgtctcccgc cgtttccagc ggacgtcttc atggtccctc agtatggata cctcaccctg 1140

aacaacggaa gtcaagcggt gggacgctca tccttttact gcctggagta cttcccttcg 1200

cagatgctaa ggactggaaa taacttccaa ttcagctata ccttcgagga tgtacctttt 1260

cacagcagct acgctcacag ccagagtttg gatcgcttga tgaatcctct tattgatcag 1320

tatctgtact acctgaacag aacgcaagga acaacctctg gaacaaccaa ccaatcacgg 1380

ctgcttttta gccaggctgg gcctcagtct atgtctttgc aggccagaaa ttggctacct 1440

gggccctgct accggcaaca gagactttca aagactgcta acgacaacaa caacagtaac 1500

tttccttgga cagcggccag caaatatcat ctcaatggcc gcgactcgct ggtgaatcca 1560

ggaccagcta tggccagtca caaggacgat gaagaaaaat ttttccctat gcacggcaat 1620

ctaatatttg gcaaagaagg gacaacggca agtaacgcag aattagataa tgtaatgatt 1680

acggatgaag aagagattcg taccaccaat cctgtggcaa cagagcagta tggaactgtg 1740

gcaaataact tgcagagctc aaatacagct cccacgacta gaactgtcaa tgatcagggg 1800

gccttacctg gcatggtgtg gcaagatcgt gacgtgtacc ttcaaggacc tatctgggca 1860

aagattcctc acacggatgg acactttcat ccttctcctc tgatgggagg ctttggactg 1920

aaacatccgc ctcctcaaat catgatcaaa aatactccgg taccggcaaa tcctccgacg 1980

actttcagcc cggccaagtt tgcttcattt atcactcagt actccactgg acaggtcagc 2040

gtggaaattg agtgggagct acagaaagaa aacagcaaac gttggaatcc agagattcag 2100

tacacttcca actacaacaa gtctgttaat gtggacttta ctgtagacac taatggtgtt 2160

tatagtgaac ctcgccctat tggaacccgg tatctcacac gaaacttgta a 2211

<210> 1184

<211> 2205

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1184

atgactgacg gttaccttcc agattggcta gaggacaacc tctctgaagg cgttcgagag 60

tggtgggcgc tgcaacctgg agcccctaaa cccaaggcaa atcaacaaca tcaggacaac 120

gctcggggtc ttgtgcttcc gggttacaaa tacctcggac ccggcaacgg actcgacaag 180

ggggaacccg tcaacgcagc ggacgcggca gccctcgagc acgacaaggc ctacgaccag 240

cagctcaagg ccggtgacaa cccctacctc aagtacaacc acgccgacgc ggagttccag 300

cagcggcttc agggcgacac atcgtttggg ggcaacctcg gcagagcagt cttccaggcc 360

aaaaagaggg ttcttgaacc tcttggtctg gttgagcaag cgggtgagac ggctcctgga 420

aagaagagac cgttgattga atccccccag cagcccgact cctccacggg tatcggcaaa 480

aaaggcaagc agccggctaa aaagaagctc gttttcgaag acgaaactgg agcaggcgac 540

ggaccccctg agggatcaac ttccggagcc atgtctgatg acagtgagat gcgtgcagca 600

gctggcggag ctgcagtcga gggcggacaa ggtgccgatg gagtgggtaa tgcctcgggt 660

gattggcatt gcgattccac ctggtctgag ggccacgtca cgaccaccag caccagaacc 720

tgggtcttgc ccacctacaa caaccacctc tacaagcgac tcggagagag cctgcagtcc 780

aacacctaca acggattctc cacccctgg ggatactttg acttcaaccg cttccactgc 840

cacttctcac cacgtgactg gcagcgactc atcaacaaca actggggcat gcgacccaaa 900

gccatgcggg tcaaaatctt caacatccag gtcaaggagg tcacgacgtc gaacggcgag 960

acaacggtgg ctaataacct taccagcacg gttcagatct ttgcggactc gtcgtacgaa 1020

ctgccgtacg tgatggatgc gggtcaagag ggcagcctgc ctcctttcc caacgacgtc 1080

tttatggtgc cccagtacgg ctactgtgga ctggtgaccg gcaacacttc gcagcaacag 1140

actgacagaa atgccttcta ctgcctggag tactttcctt cgcagatgct gcggactggc 1200

aacaactttg aaattacgta cagttttgag aaggtgcctt tccactcgat gtacgcgcac 1260

agccagagcc tggaccggct gatgaaccct ctcatcgacc agtacctgtg gggactgcaa 1320
tcgaccacca ccggaaccac cctgaatgcc gggactgcca ccaccaactt taccaagctg 1380
cggcctacca acttttccaa ctttaaaaag aactggctgc ccgggccttc aatcaagcag 1440
cagggcttct caaagactgc caatcaaaac tacaagatcc ctgccaccgg gtcagacagt 1500
ctcatcaaat acgagacgca cagcactctg gacggaagat ggagtgccct gacccccgga 1560
cctccaatgg ccacggctgg acctgcggac agcaagttca gcaacagcca gctcatcttt 1620
gcggggccta aacagaacgg caacacggcc accgtacccg ggactctgat cttcacctct 1680

gaggaggagc tggcagccac caacgccacc gatacggaca tgtggggcaa cctacctggc 1740
ggtgaccaga gcaacagcaa cctgccgacc gtggacagac tgacagcctt gggagccgtg 1800
cctggaatgg tctggcaaaa cagagacatt tactaccagg gtcccatttg ggccaagatt 1860
cctcataccg atggacactt tcacccctca ccgctgattg gtgggtttgg gctgaaacac 1920
ccgcctcctc aaatttttat caagaacacc ccggtacctg cgaatcctgc aacgaccttc 1980
agctctactc cggtaaactc cttcattact cagtacagca ctggccaggt gtcggtgcag 2040
attgactggg agatccagaa ggagcggtcc aaacgctgga accccgaggt ccagtttacc 2100

tccaactacg gacagcaaaa ctctctgttg tgggctcccg atgcggctgg gaaatacact 2160
gagcctaggg ctatcggtac ccgctacctc acccaccacc tgtaa 2205
<210> 1185
<211> 2234
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1185
atgtcttttg ttgatcaccc tccagattgg ttggaagaag ttggtgaagg tcttcgcgag 60
tttttgggcc ttgaagcggg cccaccgaaa ccaaaaccca atcagcagca tcaagatcaa 120
gcccgtggtc ttgtgctgcc tggttataac tatctcggac ccggaaacgg tctcgatcga 180

ggagagcctg tcaacagggc agacgaggtc gcgcgagagc acgacatctc gtacaacgag 240
cagcttgagg cgggagacaa cccctacctc aagtacaacc acgcggacgc cgagtttcag 300
gagaagctcg ccgacgacac atccttcggg ggaaacctcg gaaaggcagt ctttcaggcc 360
aagaaaaggg ttctcgaacc ttttggcctg gttgaagagg gtgctaagac ggcccctacc 420

ggaaagcgga tagacgacca ctttccaaaa agaaagaagg ctcggaccga agaggactcc 480

aagccttcca cctcgtcaga cgccgaagct ggacccagcg gatcccagca gctgcaaatc 540

ccagcccaac cagcctcaag tttgggagct gatacaatgt ctgcgggagg tggcggccca 600

ttgggcgaca ataaccaagg tgccgatgga gtgggcaatg cctcgggaga ttggcattgc 660

gattccacgt ggatggggga cagagtcgtc accaagtcca cccgaacctg ggtgctgccc 720

agctacaaca accaccagta ccgagagatc aaaagcggct ccgtcgacgg aagcaacgcc 780

aacgcctact ttggatacag caccccctgg gggtactttg actttaaccg cttccacagc 840

cactggagcc cccgagactg gcaaagactc atcaacaact actggggctt cagaccccgg 900

tccctcagag tcaaaatctt caacattcaa gtcaaagagg tcacggtgca ggactccacc 960

accaccatcg ccaacaacct cacctccacc gtccaagtgt ttacggacga cgactaccag 1020

ctgccctacg tcgtcggcaa cgggaccgag ggatgcctgc cggccttccc tccgcaggtc 1080

tttacgctgc cgcagtacgg ttacgcgacg ctgaaccgcg acaacacaga aaatcccacc 1140

gagaggagca gcttcttctg cctagagtac tttcccagca agatgctgag aacgggcaac 1200

aactttgagt ttacctacaa ctttgaggag gtgcccttcc actccagctt cgctcccagt 1260

cagaacctgt tcaagctggc caacccgctg gtggaccagt acttgtaccg cttcgtgagc 1320

acaaataaca ctggcggagt ccagttcaac aagaacctgg ccgggagata cgccaacacc 1380

tacaaaaact ggttcccggg gcccatgggc cgaacccagg gctggaacct gggctccggg 1440

gtcaaccgcg ccagtgtcag cgccttcgcc acgaccaata ggatggagct cgagggcgcg 1500

agttaccagg tgcccccgca gccgaacggc atgaccaaca acctccaggg cagcaacacc 1560

tatgccctgg agaacactat gatcttcaac agccagccgg cgaacccggg caccaccgcc 1620

acgtacctcg agggcaacat gctcatcacc agcgagagcg agacgcagcc ggtgaaccgc 1680

gtggcgtaca acgtcggcgg gcagatggcc accaacaacc agagctccac cactgccccc 1740

gcgaccggca cgtacaacct ccaggaaatc gtgcccggca gcgtgtggat ggagagggac 1800

gtgtacctcc aaggacccat ctgggccaag atcccagaga cgggggcgca ctttcacccc 1860

tctccggcca tgggcggatt cggactcaaa cacccaccgc ccatgatgct catcaagaac 1920

acgcctgtgc ccggaaatat caccagcttc tcggacgtgc ccgtcagcag cttcatcacc 1980

cagtacagca ccgggcaggt caccgtggag atggagtggg agctcaagaa ggaaaactcc 2040

aagaggtgga acccagagat ccagtacaca aacaactaca acgacccccа gtttgtggac 2100

tttgccccgg acagcaccgg ggaatacaga accaccagac ctatcggaac ccgatacctt 2160

acccgacccc tttaacccat tcatgtcgca taccctcaat aaaccgtgta ttcgtgtcag 2220

taaaatactg cctc 2234

<210> 1186

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1186

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Pro Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro His Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1187

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1187

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu

625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1188
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1188

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Gly Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Gly Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Cys Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr

580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1189
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1189

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Ser His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Ala Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Gly Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Ser
725 730 735

<210> 1190
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1190

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Leu Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Ser His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Gly Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1191

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1191

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asp Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Cys Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Ser
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asp Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr

435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590
Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670
Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1192

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1192

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asp Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asn Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1193

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1193

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asp Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510
Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Val Gln
565 570 575
Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620
Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640
Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655
Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685
Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1194
<211> 735
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1194
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Gly Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320
Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Phe Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380
Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Ser Asp Arg
420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445
Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn Gly
500 505 510
Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys Asp
515 520 525
Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly Lys
530 535 540

Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile Thr
545 550 555 560

Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln Tyr
565 570 575
Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr Thr
580 585 590
Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp
595 600 605
Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr
610 615 620

Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu Lys
625 630 635 640
His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn
645 650 655
Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr Gln
660 665 670
Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys
675 680 685

Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr
690 695 700
Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val Tyr
705 710 715 720
Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1195
<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1195

```
Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1               5                  10                  15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
            20                  25                  30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
        35                  40                  45
Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Glu Gly Glu Pro
    50                  55                  60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
                85                  90                  95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
            100                 105                 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
        115                 120                 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
    130                 135                 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145                 150                 155                 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
                165                 170                 175
Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
            180                 185                 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
        195                 200                 205
Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225                 230                 235                 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Ser His Leu
```

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270
Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His
275 280 285
Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp
290 295 300
Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val
305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu
325 330 335
Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr
340 345 350
Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp
355 360 365
Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser
370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser
385 390 395 400
Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu
405 410 415
Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg
420 425 430
Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460
Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480
Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1196

<211> 668

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1196

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Gly Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160

Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Ser His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr
260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Ile Leu Thr Leu Thr Asp Ser Thr
275 280 285
Ala Thr Ser His His Val Thr Gly Ser Asp Ser Leu Thr Thr Thr Gly
290 295 300
Asp Ser Gly Pro Arg Asn Ser Ala Ser Ser Ser Ser Thr Ser Lys Leu
305 310 315 320
Lys Arg Ser Arg Arg Thr Met Ala Arg Arg Leu Leu Pro Ile Thr Leu
325 330 335

Pro Ala Arg Phe Lys Cys Leu Arg Thr Arg Ser Ile Ser Ser Arg Thr
340 345 350
Cys Ser Gly Arg Arg Thr Lys Ala Val Ser Arg Arg Phe Gln Arg Thr
355 360 365
Pro Ser Trp Ser Leu Ser Met Asp Thr Ser Pro Thr Thr Glu Val Lys
370 375 380
Arg Trp Asp Ala His Pro Phe Thr Ala Trp Ser Thr Ser Leu Arg Arg
385 390 395 400

Cys Gly Leu Glu Ile Thr Ser Asn Ser Ala Ile Pro Ser Arg Met Tyr
405 410 415
Leu Phe Thr Ala Ala Thr Leu Thr Ala Arg Val Trp Ile Ala Ile Leu
420 425 430
Leu Leu Ile Ser Ile Cys Thr Thr Thr Glu Arg Lys Glu Gln Pro Leu
435 440 445

Glu Gln Pro Thr Asn His Gly Cys Phe Leu Ala Arg Leu Gly Leu Ser
450 455 460

Leu Cys Leu Cys Arg Pro Glu Ile Gly Tyr Leu Gly Pro Ala Thr Gly
465 470 475 480
Asn Arg Asp Phe Gln Arg Leu Leu Thr Thr Thr Thr Thr Val Thr Phe
485 490 495
Leu Gly Gln Arg Pro Ala Asn Ile Ile Ser Met Ala Ala Thr Arg Trp
500 505 510
Ile Gln Asp Gln Leu Trp Pro Val Thr Arg Thr Met Lys Lys Asn Phe
515 520 525

Ser Leu Cys Thr Ala Ile Arg Gly Pro Tyr Leu Ala Trp Cys Gly Lys
530 535 540
Ile Val Thr Cys Thr Phe Lys Asp Leu Ser Gly Gln Arg Phe Leu Thr
545 550 555 560
Arg Met Asp Thr Phe Ile Leu Leu Leu Trp Glu Ala Leu Asp Asn Ile
565 570 575
Arg Leu Leu Lys Ser Ser Lys Ile Leu Arg Tyr Arg Gln Ile Leu Arg
580 585 590

Arg Leu Ser Ala Arg Pro Ser Leu Leu His Leu Ser Leu Ser Thr Pro
595 600 605
Leu Asp Arg Ser Ala Trp Lys Leu Ser Gly Ser Tyr Arg Lys Lys Thr
610 615 620
Ala Asn Val Gly Ile Gln Arg Phe Ser Thr Leu Pro Thr Thr Thr Ser
625 630 635 640
Leu Leu Met Trp Thr Leu Leu Thr Leu Met Val Phe Ile Val Asn Leu
645 650 655

Ala Leu Leu Glu Pro Gly Ile Ser His Glu Thr Cys
660 665

<210> 1197
<211> 734
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1197

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Thr Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys

210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380
Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445
Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460

Leu Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510
Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525
Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560
Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575
Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640
Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655
Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685
Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700
Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 1198

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1198

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu

1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln

65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro

130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys

145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr

165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190
Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205
Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Leu Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Val Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asp Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380
Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460

Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495

Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 1199

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1199

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu

1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Glu Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln

65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu

115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140
Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205
Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255

Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350
Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415
Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480
Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525
Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540
Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560
Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605
Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730

<210> 1200

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1200

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln

65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160
Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Gly Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190
Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220
Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Pro Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320

Thr Thr Ala Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460

Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495

Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 1201

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1201

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu

1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80
Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125
Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140
Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175
Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190
Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205
Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240
Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255
Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320
Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335
Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Arg Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380
Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445
Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510
Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro

515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys

530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser

545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly

565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp

580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg

595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp

610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro

645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr

660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu

675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly

690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr

705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 1202

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1202

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15

Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Gln Gly
35 40 45

Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80

Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro
130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220

Asp Ser Thr Arg Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr

225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255

Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400

Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415

Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430

Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460

Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480

Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495

Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510

Arg Trp Ser Ala Arg Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525

Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540

Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560

Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590

Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605

Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620

Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His
625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655

Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670

Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685

Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720

Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu

725 730

<210> 1203

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1203

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Glu Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1204

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1204

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Ser Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1205

<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1205
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Ser
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1206

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1206

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Pro Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Val Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Pro Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Cys Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1207
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1207
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Ala Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1208

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1208

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Gly Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ala Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1209

<211> 723

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1209

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn
500 505 510
Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe
515 520 525
Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu Gly

530 535 540
Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val
545 550 555 560
Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser Thr
565 570 575
Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro Gly
580 585 590
Ser Val Trp Met Glu Gly Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala

595 600 605
Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly
610 615 620
Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr
625 630 635 640
Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser Ser
645 650 655
Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp

660 665 670
Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

675 680 685

Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Ser

690 695 700

Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

705 710 715 720

Arg Pro Leu

<210> 1210

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1210

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Val Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Glu Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1211
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1211
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Ser Glu

65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Ala Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1212

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1212

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Pro Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Thr Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Pro Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1213
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 1213
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

```
            20                  25                  30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
        35                  40                  45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
    50                  55                  60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65                  70                  75                  80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
                85                  90                  95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
            100                 105                 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
        115                 120                 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
    130                 135                 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145                 150                 155                 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
                165                 170                 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
            180                 185                 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
        195                 200                 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
    210                 215                 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225                 230                 235                 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
                245                 250                 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
            260                 265                 270
```

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Leu Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Lys Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1214

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1214

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Pro Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1215

<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1215

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr His Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Ser Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Arg Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1216
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1216
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Ser Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Thr Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Arg Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1217

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1217

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Ala Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Gly Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Thr Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1218
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 1218
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Val Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Gly Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Gly Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Leu Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1219
<211> 723
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1219
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Ala

595 600 605

Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly

610 615 620

Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr

625 630 635 640

Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser Ser

645 650 655

Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp

660 665 670

Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr

675 680 685

Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Ser

690 695 700

Thr Gly Glu Cys Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr

705 710 715 720

Arg Pro Leu

<210> 1220

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1220

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Leu Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Gly
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Glu Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Ala Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1221

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1221

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Ile Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1222
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1222
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Leu Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1223

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1223

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Ala

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Gly

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Gly Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1224
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1224
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Pro Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Ala

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1225

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1225

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Pro Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Ala Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700
Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1226
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1226

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Pro Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1227

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1227

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Pro Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Pro Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu
530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620
Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640
Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655
Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ala Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1228

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1228

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175
Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Ala Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670
Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685
Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720
Thr Arg Pro Leu

<210> 1229
<211> 724
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1229
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15
Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80
Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Ala Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Ala

290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr

305 310 315 320

Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Leu Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile
515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540
Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg
545 550 555 560
Val Val His Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser
565 570 575
Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590
Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605
Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1230

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1230

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys

20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125
Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140
Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160
Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190
Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205
Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220
Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Gly Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335

Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350

Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr

355 360 365

Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser

370 375 380

Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400

Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415

Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp

420 425 430

Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln

435 440 445

Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460

Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro
580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp
595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met
610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn
625 630 635 640

Thr Pro Ala Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser
645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu
660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Gly Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln
675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp
690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu
705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1231

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1231

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu

1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly

35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val

50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu

65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala

195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp

210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro

225 230 235 240

Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp

245 250 255

Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr

260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp

325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys
340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn

385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser
405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp

450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly
465 470 475 480
Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu
485 490 495
Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr
500 505 510
Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525
Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Val His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1232

<211> 724

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><221> MOD_RES

<222> (551)..(551)

<223> Any amino acid

<400> 1232

Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45

Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe
115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile
130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser
145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln
165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr
180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala
195 200 205

Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp
210 215 220

Met Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro
225 230 235 240
Ser Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp
245 250 255
Gly Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270
Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln

275 280 285
Arg Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val
290 295 300
Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr
305 310 315 320
Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp
325 330 335
Asp Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys

340 345 350
Leu Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365
Ala Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser
370 375 380
Phe Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn
385 390 395 400
Asn Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser

405 410 415
Phe Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp
420 425 430
Gln Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln
435 440 445
Phe Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp
450 455 460
Phe Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly

465 470 475 480

Val Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu

485 490 495

Leu Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr

500 505 510

Asn Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile

515 520 525

Phe Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu

530 535 540

Gly Ser Met Leu Ile Thr Xaa Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg

545 550 555 560

Val Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser

565 570 575

Thr Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro

580 585 590

Gly Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp

595 600 605

Ala Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met

610 615 620

Gly Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn

625 630 635 640

Thr Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser

645 650 655

Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu

660 665 670

Trp Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln

675 680 685

Tyr Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp

690 695 700

Ser Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu

705 710 715 720

Thr Arg Pro Leu

<210> 1233

<211> 736
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1233

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15
Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Val Pro Gln Pro
20 25 30
Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Arg Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60
Val Asn Glu Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80
Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Gln Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Ile Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Asp Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ser Gly Val Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Lys Gln Pro Ala Arg Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175

Gly Asp Ser Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Leu Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Ser Asn Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Met Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala Ser Asn Asp Asn His Tyr

260 265 270

Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His

275 280 285

Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp

290 295 300

Gly Phe Arg Pro Lys Lys Leu Ser Phe Lys Leu Phe Asn Ile Gln Val

305 310 315 320

Lys Glu Val Thr Gln Asn Asp Gly Thr Thr Thr Ile Ala Asn Asn Leu

325 330 335

Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Glu Tyr Gln Leu Pro Tyr

340 345 350

Val Leu Gly Ser Ala His Gln Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro Ala Asp

355 360 365

Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser

370 375 380

Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser

385 390 395 400

Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Thr Phe Glu

405 410 415

Asp Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg

420 425 430

Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Asn Arg Thr
435 440 445

Gln Gly Thr Thr Ser Gly Thr Thr Asn Gln Ser Arg Leu Leu Phe Ser
450 455 460

Gln Ala Gly Pro Gln Ser Met Ser Leu Gln Ala Arg Asn Trp Leu Pro
465 470 475 480

Gly Pro Cys Tyr Arg Gln Gln Arg Leu Ser Lys Thr Ala Asn Asp Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Asn Phe Pro Trp Thr Ala Ala Ser Lys Tyr His Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asp Ser Leu Val Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Asp Asp Glu Glu Lys Phe Phe Pro Met His Gly Asn Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Glu Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Glu Leu Asp Asn Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asp Glu Glu Glu Ile Arg Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Gln
565 570 575

Tyr Gly Thr Val Ala Asn Asn Leu Gln Ser Ser Asn Thr Ala Pro Thr
580 585 590

Thr Arg Thr Val Asn Asp Gln Gly Ala Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605

Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His
610 615 620

Thr Asp Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Leu
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Met Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asn Pro Pro Thr Thr Phe Ser Pro Ala Lys Phe Ala Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln

675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700
Tyr Asn Lys Ser Val Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly Val
705 710 715 720
Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1234

<211> 734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1234

Met Thr Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser Glu
1 5 10 15
Gly Val Arg Glu Trp Trp Ala Leu Gln Pro Gly Ala Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro Val
50 55 60

Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp Gln
65 70 75 80
Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp
85 90 95
Ala Glu Phe Gln Gln Arg Leu Gln Gly Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn
100 105 110
Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Leu
115 120 125

Gly Leu Val Glu Gln Ala Gly Glu Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg Pro

130 135 140

Leu Ile Glu Ser Pro Gln Gln Pro Asp Ser Ser Thr Gly Ile Gly Lys
145 150 155 160

Lys Gly Lys Gln Pro Ala Lys Lys Lys Leu Val Phe Glu Asp Glu Thr
165 170 175

Gly Ala Gly Asp Gly Pro Pro Glu Gly Ser Thr Ser Gly Ala Met Ser
180 185 190

Asp Asp Ser Glu Met Arg Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Val Glu Gly
195 200 205

Gly Gln Gly Ala Asp Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys
210 215 220

Asp Ser Thr Trp Ser Glu Gly His Val Thr Thr Thr Ser Thr Arg Thr
225 230 235 240

Trp Val Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu Tyr Lys Arg Leu Gly Glu
245 250 255

Ser Leu Gln Ser Asn Thr Tyr Asn Gly Phe Ser Thr Pro Trp Gly Tyr
260 265 270

Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln
275 280 285

Arg Leu Ile Asn Asn Asn Trp Gly Met Arg Pro Lys Ala Met Arg Val
290 295 300

Lys Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Thr Ser Asn Gly Glu
305 310 315 320

Thr Thr Val Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Ile Phe Ala Asp
325 330 335

Ser Ser Tyr Glu Leu Pro Tyr Val Met Asp Ala Gly Gln Glu Gly Ser
340 345 350

Leu Pro Pro Phe Pro Asn Asp Val Phe Met Val Pro Gln Tyr Gly Tyr
355 360 365

Cys Gly Leu Val Thr Gly Asn Thr Ser Gln Gln Gln Thr Asp Arg Asn
370 375 380

Ala Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly
385 390 395 400
Asn Asn Phe Glu Ile Thr Tyr Ser Phe Glu Lys Val Pro Phe His Ser
405 410 415
Met Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile
420 425 430
Asp Gln Tyr Leu Trp Gly Leu Gln Ser Thr Thr Thr Gly Thr Thr Leu
435 440 445

Asn Ala Gly Thr Ala Thr Thr Asn Phe Thr Lys Leu Arg Pro Thr Asn
450 455 460
Phe Ser Asn Phe Lys Lys Asn Trp Leu Pro Gly Pro Ser Ile Lys Gln
465 470 475 480
Gln Gly Phe Ser Lys Thr Ala Asn Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Ala Thr
485 490 495
Gly Ser Asp Ser Leu Ile Lys Tyr Glu Thr His Ser Thr Leu Asp Gly
500 505 510

Arg Trp Ser Ala Leu Thr Pro Gly Pro Pro Met Ala Thr Ala Gly Pro
515 520 525
Ala Asp Ser Lys Phe Ser Asn Ser Gln Leu Ile Phe Ala Gly Pro Lys
530 535 540
Gln Asn Gly Asn Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Leu Ile Phe Thr Ser
545 550 555 560
Glu Glu Glu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Thr Asp Thr Asp Met Trp Gly
565 570 575

Asn Leu Pro Gly Gly Asp Gln Ser Asn Ser Asn Leu Pro Thr Val Asp
580 585 590
Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Val Pro Gly Met Val Trp Gln Asn Arg
595 600 605
Asp Ile Tyr Tyr Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp
610 615 620
Gly His Phe His Pro Ser Pro Leu Ile Gly Gly Phe Gly Leu Lys His

625 630 635 640

Pro Pro Pro Gln Ile Phe Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asn Pro
645 650 655
Ala Thr Thr Phe Ser Ser Thr Pro Val Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr
660 665 670
Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Gln Ile Asp Trp Glu Ile Gln Lys Glu
675 680 685
Arg Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Val Gln Phe Thr Ser Asn Tyr Gly
690 695 700

Gln Gln Asn Ser Leu Leu Trp Ala Pro Asp Ala Ala Gly Lys Tyr Thr
705 710 715 720
Glu Pro Arg Ala Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr His His Leu
725 730

<210> 1235
<211> 723
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1235
Met Ser Phe Val Asp His Pro Pro Asp Trp Leu Glu Glu Val Gly Glu
1 5 10 15

Gly Leu Arg Glu Phe Leu Gly Leu Glu Ala Gly Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Pro Asn Gln Gln His Gln Asp Gln Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro Gly
35 40 45
Tyr Asn Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Arg Gly Glu Pro Val
50 55 60
Asn Arg Ala Asp Glu Val Ala Arg Glu His Asp Ile Ser Tyr Asn Glu
65 70 75 80

Gln Leu Glu Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala Asp

85 90 95

Ala Glu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Asp Asp Thr Ser Phe Gly Gly Asn

100 105 110

Leu Gly Lys Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Val Leu Glu Pro Phe

115 120 125

Gly Leu Val Glu Glu Gly Ala Lys Thr Ala Pro Thr Gly Lys Arg Ile

130 135 140

Asp Asp His Phe Pro Lys Arg Lys Lys Ala Arg Thr Glu Glu Asp Ser

145 150 155 160

Lys Pro Ser Thr Ser Ser Asp Ala Glu Ala Gly Pro Ser Gly Ser Gln

165 170 175

Gln Leu Gln Ile Pro Ala Gln Pro Ala Ser Ser Leu Gly Ala Asp Thr

180 185 190

Met Ser Ala Gly Gly Gly Pro Leu Gly Asp Asn Asn Gln Gly Ala Asp

195 200 205

Gly Val Gly Asn Ala Ser Gly Asp Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met

210 215 220

Gly Asp Arg Val Val Thr Lys Ser Thr Arg Thr Trp Val Leu Pro Ser

225 230 235 240

Tyr Asn Asn His Gln Tyr Arg Glu Ile Lys Ser Gly Ser Val Asp Gly

245 250 255

Ser Asn Ala Asn Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe

260 265 270

Asp Phe Asn Arg Phe His Ser His Trp Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg

275 280 285

Leu Ile Asn Asn Tyr Trp Gly Phe Arg Pro Arg Ser Leu Arg Val Lys

290 295 300

Ile Phe Asn Ile Gln Val Lys Glu Val Thr Val Gln Asp Ser Thr Thr

305 310 315 320

Thr Ile Ala Asn Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Asp

325 330 335

Asp Tyr Gln Leu Pro Tyr Val Val Gly Asn Gly Thr Glu Gly Cys Leu
340 345 350

Pro Ala Phe Pro Pro Gln Val Phe Thr Leu Pro Gln Tyr Gly Tyr Ala
355 360 365

Thr Leu Asn Arg Asp Asn Thr Glu Asn Pro Thr Glu Arg Ser Ser Phe
370 375 380

Phe Cys Leu Glu Tyr Phe Pro Ser Lys Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn
385 390 395 400

Phe Glu Phe Thr Tyr Asn Phe Glu Glu Val Pro Phe His Ser Ser Phe
405 410 415

Ala Pro Ser Gln Asn Leu Phe Lys Leu Ala Asn Pro Leu Val Asp Gln
420 425 430

Tyr Leu Tyr Arg Phe Val Ser Thr Asn Asn Thr Gly Gly Val Gln Phe
435 440 445

Asn Lys Asn Leu Ala Gly Arg Tyr Ala Asn Thr Tyr Lys Asn Trp Phe
450 455 460

Pro Gly Pro Met Gly Arg Thr Gln Gly Trp Asn Leu Gly Ser Gly Val
465 470 475 480

Asn Arg Ala Ser Val Ser Ala Phe Ala Thr Thr Asn Arg Met Glu Leu
485 490 495

Glu Gly Ala Ser Tyr Gln Val Pro Pro Gln Pro Asn Gly Met Thr Asn
500 505 510

Asn Leu Gln Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Leu Glu Asn Thr Met Ile Phe
515 520 525

Asn Ser Gln Pro Ala Asn Pro Gly Thr Thr Ala Thr Tyr Leu Glu Gly
530 535 540

Asn Met Leu Ile Thr Ser Glu Ser Glu Thr Gln Pro Val Asn Arg Val
545 550 555 560

Ala Tyr Asn Val Gly Gly Gln Met Ala Thr Asn Asn Gln Ser Ser Thr
565 570 575

Thr Ala Pro Ala Thr Gly Thr Tyr Asn Leu Gln Glu Ile Val Pro Gly

580 585 590

Ser Val Trp Met Glu Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala
595 600 605

Lys Ile Pro Glu Thr Gly Ala His Phe His Pro Ser Pro Ala Met Gly
610 615 620

Gly Phe Gly Leu Lys His Pro Pro Pro Met Met Leu Ile Lys Asn Thr
625 630 635 640

Pro Val Pro Gly Asn Ile Thr Ser Phe Ser Asp Val Pro Val Ser Ser
645 650 655

Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Thr Val Glu Met Glu Trp
660 665 670

Glu Leu Lys Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr
675 680 685

Thr Asn Asn Tyr Asn Asp Pro Gln Phe Val Asp Phe Ala Pro Asp Ser
690 695 700

Thr Gly Glu Tyr Arg Thr Thr Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr
705 710 715 720

Arg Pro Leu

<210> 1236

<211> 743

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1236

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Ile Asn Gly Ser Gly Gln Asn Gln Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys

515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile

545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Thr Leu Ala Val

580 585 590

Pro Phe Lys Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

610 615 620

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro

625 630 635 640

Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp

660 665 670

Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val

675 680 685

Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro

690 695 700

Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe

705 710 715 720

Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr

725 730 735

Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

740

<210> 1237

<211> 2232

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1237

atggctgccg atggttatct tccagattgg ctcgaggaca accttagtga aggaattcgc 60

gagtggtggg ctttgaaacc tggagcccct caacccaagg caaatcaaca acatcaagac 120

aacgctcgag gtcttgtgct tccgggttac aaataccttg gacccggcaa cggactcgac 180

aaggggggagc cggtcaacgc agcagacgcg gcggccctcg agcacgacaa ggcctacgac 240

cagcagctca aggccggaga caacccgtac ctcaagtaca accacgccga cgccgagttc 300

caggagcggc tcaaagaaga tacgtctttt gggggcaacc tcgggcgagc agtcttccag 360

gccaaaaaga ggcttcttga acctcttggt ctggttgagg aagcggctaa gacggctcct 420

ggaaagaaga ggcctgtaga gcagtctcct caggaaccgg actcctccgc gggtattggc 480

aaatcgggtg cacagcccgc taaaaagaga ctcaatttcg gtcagactgg cgacacagag 540

tcagtcccag accctcaacc aatcggagaa cctcccgcag ccccctcagg tgtgggatct 600

cttacaatgg cttcaggtgg tggcgcacca gtggcagaca ataacgaagg tgccgatgga 660

gtgggtagtt cctcgggaaa ttggcattgc gattcccaat ggctgggggа cagagtcatc 720

accaccagca cccgaacctg ggccctgccc acctacaaca atcacctcta caagcaaatc 780

tccaacagca catctggagg atcttcaaat gacaacgcct acttcggcta cagcaccccc 840

tgggggtatt ttgacttcaa cagattccac tgccacttct caccacgtga ctggcagcga 900

ctcatcaaca acaactgggg attccggcct aagcgactca acttcaagct cttcaacatt 960

caggtcaaag aggttacgga caacaatgga gtcaagacca tcgccaataa ccttaccagc 1020

acggtccagg tcttcacgga ctcagactat cagctcccgt acgtgctcgg gtcggctcac 1080

gagggctgcc tcccgccgtt cccagcggac gttttcatga ttcctcagta cgggtatctg 1140

acgcttaatg atggaagcca ggccgtgggt cgttcgtcct tttactgcct ggaatatttc 1200

ccgtcgcaaa tgctaagaac gggtaacaac ttccagttca gctacgagtt tgagaacgta 1260

cctttccata gcagctacgc tcacagccaa agcctggacc gactaatgaa tccactcatc 1320

gaccaatact tgtactatct ctctagaact attaacggtt ctggacagaa tcaacaaacg 1380

ctaaaattca gtgtggccgg acccagcaac atggctgtcc agggaagaaa ctacatacct 1440

ggacccagct accgacaaca acgtgtctca accactgtga ctcaaaacaa caacagcgaa 1500

tttgcttggc ctggagcttc ttcttgggct ctcaatggac gtaatagctt gatgaatcct 1560

ggacctgcta tggccagcca caaagaagga gaggaccgtt tctttccttt gtctggatct 1620

ttaatttttg gcaaacaagg taccggcaga gacaacgtgg atgcggacaa agtcatgata 1680

accaacgaag aagaaattaa aactactaac ccggtagcaa cggagtccta tggacaagtg 1740

gccacaaacc accagagtgc ccaaactttg gcggtgcctt ttaaggcaca ggcgcagacc 1800

ggttgggttc aaaaccaagg aatacttccg ggtatggttt ggcaggacag agatgtgtac 1860

ctgcaaggac ccatttgggc caaaattcct cacacggacg gcaactttca cccttctccg 1920

ctgatgggag ggtttggaat gaagcacccg cctcctcaga tcctcatcaa aaacacacct 1980

gtacctgcgg atcctccaac ggccttcaac aaggacaagc tgaactcttt catcacccag 2040

tattctactg gccaagtcag cgtggagatc gagtgggagc tgcagaagga aaacagcaag 2100

cgctggaacc cggagatcca gtacacttcc aactattaca agtctaataa tgttgaattt 2160

gctgttaata ctgaaggtgt atatagtgaa ccccgcccca ttggcaccag atacctgact 2220

cgtaatctgt aa 2232

<210> 1238

<211> 736

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1238

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp
65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140
Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205
Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270
Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335
Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350
Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400
Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415
Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430
Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Arg Thr Ile Gln Ser Ser Gln Thr Pro Arg Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460
Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480
Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495
Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Ala Gln Ala Gln
580 585 590
Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile Leu Pro Gly Met Val Trp Gln
595 600 605
Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro Ile Trp Ala Lys Ile Pro His

610 615 620

Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro Leu Met Gly Gly Phe Gly Met
625 630 635 640

Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala
645 650 655

Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr
660 665 670

Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln
675 680 685

Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn
690 695 700

Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe Ala Val Asn Thr Glu Gly Val
705 710 715 720

Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
725 730 735

<210> 1239

<211> 743

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1239

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser
1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro
20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro
35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro
50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala
85 90 95
Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly
100 105 110
Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro
115 120 125
Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg
130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly
145 150 155 160
Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr
165 170 175
Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro
180 185 190
Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly
195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser
210 215 220
Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile
225 230 235 240
Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu
245 250 255
Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn
260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg
275 280 285
Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn
290 295 300
Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile
305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn
325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu
340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro
355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp
370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe
385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu
405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu
420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser
435 440 445

Arg Thr Ile Ile Leu Gly Thr Gly Thr Ser Gln Thr Leu Lys Phe Ser
450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro
465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn
485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn
500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525

Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly
530 535 540

Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560

Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser

565 570 575

Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Thr Arg Thr Asn

580 585 590

Pro Glu Ala Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile

595 600 605

Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro

610 615 620

Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro

625 630 635 640

Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile

645 650 655

Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp

660 665 670

Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val

675 680 685

Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro

690 695 700

Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe

705 710 715 720

Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr

725 730 735

Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu

740

<210> 1240

<211> 743

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1240

Met Ala Ala Asp Gly Tyr Leu Pro Asp Trp Leu Glu Asp Asn Leu Ser

1 5 10 15

Glu Gly Ile Arg Glu Trp Trp Ala Leu Lys Pro Gly Ala Pro Gln Pro

20 25 30

Lys Ala Asn Gln Gln His Gln Asp Asn Ala Arg Gly Leu Val Leu Pro

35 40 45

Gly Tyr Lys Tyr Leu Gly Pro Gly Asn Gly Leu Asp Lys Gly Glu Pro

50 55 60

Val Asn Ala Ala Asp Ala Ala Ala Leu Glu His Asp Lys Ala Tyr Asp

65 70 75 80

Gln Gln Leu Lys Ala Gly Asp Asn Pro Tyr Leu Lys Tyr Asn His Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Phe Gln Glu Arg Leu Lys Glu Asp Thr Ser Phe Gly Gly

100 105 110

Asn Leu Gly Arg Ala Val Phe Gln Ala Lys Lys Arg Leu Leu Glu Pro

115 120 125

Leu Gly Leu Val Glu Glu Ala Ala Lys Thr Ala Pro Gly Lys Lys Arg

130 135 140

Pro Val Glu Gln Ser Pro Gln Glu Pro Asp Ser Ser Ala Gly Ile Gly

145 150 155 160

Lys Ser Gly Ala Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe Gly Gln Thr

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Ser Val Pro Asp Pro Gln Pro Ile Gly Glu Pro Pro

180 185 190

Ala Ala Pro Ser Gly Val Gly Ser Leu Thr Met Ala Ser Gly Gly Gly

195 200 205

Ala Pro Val Ala Asp Asn Asn Glu Gly Ala Asp Gly Val Gly Ser Ser

210 215 220

Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Gln Trp Leu Gly Asp Arg Val Ile

225 230 235 240

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu Pro Thr Tyr Asn Asn His Leu

245 250 255

Tyr Lys Gln Ile Ser Asn Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ser Asn Asp Asn

260 265 270

Ala Tyr Phe Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Gly Tyr Phe Asp Phe Asn Arg

275 280 285

Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp Trp Gln Arg Leu Ile Asn Asn

290 295 300

Asn Trp Gly Phe Arg Pro Lys Arg Leu Asn Phe Lys Leu Phe Asn Ile

305 310 315 320

Gln Val Lys Glu Val Thr Asp Asn Asn Gly Val Lys Thr Ile Ala Asn

325 330 335

Asn Leu Thr Ser Thr Val Gln Val Phe Thr Asp Ser Asp Tyr Gln Leu

340 345 350

Pro Tyr Val Leu Gly Ser Ala His Glu Gly Cys Leu Pro Pro Phe Pro

355 360 365

Ala Asp Val Phe Met Ile Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu Asn Asp

370 375 380

Gly Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe Tyr Cys Leu Glu Tyr Phe

385 390 395 400

Pro Ser Gln Met Leu Arg Thr Gly Asn Asn Phe Gln Phe Ser Tyr Glu

405 410 415

Phe Glu Asn Val Pro Phe His Ser Ser Tyr Ala His Ser Gln Ser Leu

420 425 430

Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu Ser

435 440 445

Arg Thr Ile Ile Leu Gly Thr Gly Thr Ser Gln Thr Leu Lys Phe Ser

450 455 460

Val Ala Gly Pro Ser Asn Met Ala Val Gln Gly Arg Asn Tyr Ile Pro

465 470 475 480

Gly Pro Ser Tyr Arg Gln Gln Arg Val Ser Thr Thr Val Thr Gln Asn

485 490 495

Asn Asn Ser Glu Phe Ala Trp Pro Gly Ala Ser Ser Trp Ala Leu Asn

500 505 510

Gly Arg Asn Ser Leu Met Asn Pro Gly Pro Ala Met Ala Ser His Lys
515 520 525
Glu Gly Glu Asp Arg Phe Phe Pro Leu Ser Gly Ser Leu Ile Phe Gly

530 535 540
Lys Gln Gly Thr Gly Arg Asp Asn Val Asp Ala Asp Lys Val Met Ile
545 550 555 560
Thr Asn Glu Glu Glu Ile Lys Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Glu Ser
565 570 575
Tyr Gly Gln Val Ala Thr Asn His Gln Ser Ala Gln Asn Gly Gly Thr
580 585 590
Ser Ser Ser Ala Gln Ala Gln Thr Gly Trp Val Gln Asn Gln Gly Ile

595 600 605
Leu Pro Gly Met Val Trp Gln Asp Arg Asp Val Tyr Leu Gln Gly Pro
610 615 620
Ile Trp Ala Lys Ile Pro His Thr Asp Gly Asn Phe His Pro Ser Pro
625 630 635 640
Leu Met Gly Gly Phe Gly Met Lys His Pro Pro Pro Gln Ile Leu Ile
645 650 655
Lys Asn Thr Pro Val Pro Ala Asp Pro Pro Thr Ala Phe Asn Lys Asp

660 665 670
Lys Leu Asn Ser Phe Ile Thr Gln Tyr Ser Thr Gly Gln Val Ser Val
675 680 685
Glu Ile Glu Trp Glu Leu Gln Lys Glu Asn Ser Lys Arg Trp Asn Pro
690 695 700
Glu Ile Gln Tyr Thr Ser Asn Tyr Tyr Lys Ser Asn Asn Val Glu Phe
705 710 715 720
Ala Val Asn Thr Glu Gly Val Tyr Ser Glu Pro Arg Pro Ile Gly Thr

725 730 735
Arg Tyr Leu Thr Arg Asn Leu
740

<210> 1241

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1241

Thr Leu Ala Val Pro Phe Lys

1 5

<210> 1242

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1242

Lys Phe Pro Val Ala Leu Thr

1 5

<210> 1243

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1243

Leu Ala Val Pro Phe Lys

1 5

<210> 1244

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1244

Ala Val Pro Phe Lys

1 5

<210> 1245

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1245

Val Pro Phe Lys

1

<210> 1246

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1246

Thr Leu Ala Val Pro Phe

1 5

<210> 1247

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1247

Thr Leu Ala Val Pro

1 5

<210> 1248

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1248

Thr Leu Ala Val

1

<210> 1249

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1249

Ser Val Ser Lys Pro Phe Leu

1 5

<210> 1250

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1250

Phe Thr Leu Thr Thr Pro Lys

1 5

<210> 1251

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1251

Met Asn Ala Thr Lys Asn Val

1 5

<210> 1252

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1252

Gln Ser Ser Gln Thr Pro Arg

1 5

<210> 1253

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1253

Ile Leu Gly Thr Gly Thr Ser

1 5

<210> 1254

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1254

Thr Arg Thr Asn Pro Glu Ala

1 5

<210> 1255

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1255

Asn Gly Gly Thr Ser Ser Ser

1 5

<210> 1256

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1256

Tyr Thr Leu Ser Gln Gly Trp
1 5

<210> 1257

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 1257

aagtttcctg tggcgttgac t 21

<210> 1258

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 1258

actttggcgg tgccttttaa g 21

<210> 1259

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide

<400> 1259

agtgtgagta agccttttt g 21

<210> 1260

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1260

tttacgttga cgacgcctaa g 21

<210> 1261

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1261

atgaatgcta cgaagaatgt g 21

<210> 1262

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1262

cagtcgtcgc agacgcctag g 21

<210> 1263

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1263

attctgggga ctggtacttc g 21

<210> 1264

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1264

acgcggacta atcctgaggc t 21

<210> 1265

<211> 21

<212> DNA

<213

> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1265

aatgggggga ctagtagttc t 21

<210> 1266

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1266

tatactttgt cgcagggttg g 21

<210> 1267

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1267

Ser Ala Asp Asn Asn Asn Ser Glu Tyr

1 5

<210> 1268

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1268

Leu Ile Asp Gln Tyr Leu Tyr Tyr Leu

1 5

<210> 1269

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1269

Val Pro Gln Tyr Gly Tyr Leu Thr Leu

1 5

<210> 1270

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1270

Thr Thr Ser Thr Arg Thr Trp Ala Leu

1 5

<210> 1271

<211> 9

<

212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1271

Tyr His Leu Asn Gly Arg Asp Ser Leu
1 5

<210> 1272

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1272

Ser Gln Ala Val Gly Arg Ser Ser Phe
1 5

<210> 1273

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1273

Val Pro Ala Asn Pro Ser Thr Thr Phe
1 5

<210> 1274

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1274

Phe Pro Gln Ser Gly Val Leu Ile Phe

1 5

<210> 1275

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1275

Tyr Phe Asp Phe Asn Arg Phe His Cys His Phe Ser Pro Arg Asp

1 5 10 15

<210> 1276

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220>

<223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1276

Val Gly Asn Ser Ser Gly Asn Trp His Cys Asp Ser Thr Trp Met

1 5 10 15

<210> 1277

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1277

Gln Phe Ser Gln Ala Gly Ala Ser Asp Ile Arg Asp Gln Ser Arg

1 5 10 15

<210> 1278

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1278

Gly Ala Ser Asp Ile Arg Gln Ser Arg Asn Trp Leu Pro

1 5 10

<210> 1279

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV2

<400> 1279

Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr Ala Asp Val Asn Thr Gln Gly Val

1 5 10 15

<210> 1280

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV1

<400> 1280

Leu Asp Arg Leu Met Asn Pro Leu Ile

1 5

<210> 1281

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> AAV capsid CD8+ T-cell epitope for AAV1

<400> 1281

Gln Pro Ala Lys Lys Arg Leu Asn Phe

1 5

<210> 1282

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1282

Gln Ala Val Arg Thr Ser Leu

1 5

<210> 1283

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400

> 1283

Leu Ala Lys Glu Arg Leu Ser

1 5