(19)中华人民共和国国家知识产权局

(12)发明专利申请

(10)申请公布号 CN 113383009 A
(43)申请公布日 2021.09.10

(21)申请号 201980071000.1

(22)申请日 2019.09.03

(30)优先权数据
1814362.8 2018.09.04 GB

(85)PCT国际申请进入国家阶段日
2021.04.27

(86)PCT国际申请的申请数据
PCT/EP2019/073481 2019.09.03

(87)PCT国际申请的公布数据
WO2020/048995 EN 2020.03.12

(71)申请人 特雷斯生物有限公司
地址 英国伦敦

(72)发明人 朱丽安娜·利兹维奇
列文特·莫尔纳 埃尼科·托克
约瑟夫·托特 奥索利亚·洛林茨
若尔特·塞斯佐夫斯基
埃斯特·索莫吉 卡塔林·潘蒂亚
莫妮卡·梅格耶西 彼得·帕莱斯

(74)专利代理机构 北京市万慧达律师事务所 11111
代理人 谢敏楠 段晓玲

(51)Int.Cl.
C07K 14/47(2006.01)

权利要求书4页 说明书109页 附图20页

(54)发明名称

制备疫苗组合物的方法

(57)摘要

本公开涉及多肽、多核酸和包含多肽的药物组合物，其可用于预防或治疗癌症。本公开还涉及通过施用包含所述肽的药物组合物，在受试者中诱导细胞毒性T细胞应答或治疗癌症的方法，以及伴随诊断方法。本发明还涉及一种制备肽或多核酸的方法，该肽或多核酸用于诱导针对靶多肽的T细胞应答的方法中，其中该方法包括鉴定抗原中与靶群体中最高比例的受试者的多个HLA等位基因结合的表位。

CN 113383009 A

1.一种长度多至50个氨基酸的肽,包含SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931中的任意氨基酸序列。

2.一种多核酸或载体,其编码权利要求1所述的肽。

3.一种由二或更多种根据权利要求1所述的肽,或二或更多种根据权利要求2所述的多核酸或载体组成的组,其中,每种肽包含、或每种多核酸或载体编码包含,选自SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931的不同的氨基酸序列。

4.权利要求3所述的肽、多核酸或载体的组,其中每个肽或编码的肽包含至少一个选自以下组之一的氨基酸序列:

(a)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出乳腺癌相关抗原的片段的序列;

(b)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出肺癌相关抗原的片段的序列;

(c)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出前列腺癌相关抗原的片段的序列;

(d)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出结直肠癌相关抗原的片段的序列;

(e)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出膀胱癌相关抗原的片段的序列;

(f)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出卵巢癌相关抗原的片段的序列;

(g)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出胰腺癌相关抗原的片段的序列;

(h)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出脑癌相关抗原的片段的序列;

(i)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出白血病相关抗原的片段的序列;

(j)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出淋巴瘤相关抗原的片段的序列;

(k)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出肝细胞癌相关抗原的片段的序列;

(l)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出黑素瘤相关抗原的片段的序列;

(m)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出甲状腺癌相关抗原的片段的序列;

(n)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出儿科癌症相关抗原的片段的序列;

(o)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出胃癌相关抗原的片段的序列;

(p)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出肾癌相关抗原的片

段的序列；

(q)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出头颈癌相关抗原的片段的序列；

(r)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出宫颈癌相关抗原的片段的序列。

5.一种药物组合物或试剂盒，包含一种或多种根据权利要求1所述的肽、一种或多种根据权利要求2所述的多核酸或载体、或根据权利要求3或权利要求4所述的肽、多核酸或载体的组，其中所述组合物或试剂盒任选地包含至少一种药学上可接受的稀释剂、载体或防腐剂。

6.权利要求5所述的药物组合物或试剂盒，包含至少二种根据权利要求1的肽，或一种或多种编码至少二种根据权利要求1的肽的根据权利要求2的多核酸或载体，其中每种肽或编码的肽包含选自SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931的氨基酸序列，其包含能够结合个体人受试者的至少三个HLA I类等位基因的T细胞表位和/或能够结合个体人受试者的至少三个HLA II类等位基因的T细胞表位。

7.一种预测特定人受试者将对根据权利要求5所述的药物组合物或试剂盒的每种肽或编码的肽具有CD8+T细胞应答和/或CD4+T细胞应答的方法，所述方法包括

(i)

a.确定每种肽或编码的肽，包含能够结合受试者的至少三种HLA I类分子的T细胞表位的至少一种氨基酸序列；以及

b.预测所述受试者将对所述药物组合物的每种肽或所述试剂盒的每种肽、多核酸或载体具有CD8+T细胞应答；和/或

(ii)

a.确定每种肽或编码的肽包含至少一个氨基酸序列，所述氨基酸序列是能够结合所述受试者的至少三个HLA II类分子的T细胞表位；以及

b.预测所述受试者将对所述药物组合物的每种肽或所述试剂盒的每种肽、多核酸或载体具有CD4+T细胞应答。

8.如权利要求7所述的方法，还包括向所述受试者施用所述药物组合物。

9.一种在受试者中接种疫苗、提供免疫疗法或诱导细胞毒性T细胞应答的方法，所述方法包括向所述受试者施用根据权利要求5或权利要求6的药物组合物或试剂盒的肽、多核酸或载体。

10.如权利要求9所述的方法，其中所述药物组合物或所述试剂盒的所述肽、多核酸或载体，已使用权利要求7所述的方法被预测在所述受试者中诱导细胞毒性T细胞应答和/或辅助T细胞应答。

11.根据权利要求8至10中任一项所述的方法，其是治疗癌症，任选地为膀胱癌、脑癌、乳腺癌、结肠直肠癌、胃癌、肝细胞癌、白血病、肺癌、淋巴瘤、黑素瘤、卵巢癌、胰腺癌、小儿癌、甲状腺癌、前列腺癌、肾癌、头颈癌、食管癌和宫颈癌，的方法。

12.一种制备用于治疗特定人受试者的癌症的方法中的药物组合物或试剂盒的方法，所述方法包括

a.选择二或更多种根据权利要求1所述的肽，或一种或多种编码至少二种根据权利要

求1所述的肽的根据权利要求2所述的多核酸或载体，其中每种肽或编码的肽包含选自SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931的氨基酸序列，其包含能够结合所述特定人受试者的至少三个HLA I类等位基因的T细胞表位和/或能够结合所述特定人受试者的至少三个HLA II类等位基因的T细胞表位；以及

b.制备包含在步骤a中选择的所述二或更多种肽、或一种或更多种多核酸或载体的药物组合物或试剂盒。

13.一种用于诱导针对靶多肽的T细胞应答的方法的，设计或制备肽、或编码肽的多核酸或载体、或肽组、或编码肽组的一种或多种多核酸或载体的方法，所述方法包括

(i)选择或定义包含多个受试者的模型人类群体，每个受试者由HLA I类基因型及/或HLA II类基因型定义；

(ii)对于所述模型群体的每个受试者鉴定：

(a)所述靶多肽的氨基酸序列，所述氨基酸序列是能够结合所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位；

(b)所述靶多肽的氨基酸序列，所述氨基酸序列是能够结合所述受试者的至少三个HLAII类分子的T细胞表位；

(c)所述靶多肽的氨基酸序列，所述靶多肽包含能够结合所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位和能够结合所述受试者的至少三个HLA II类分子的T细胞表位；或

(d)所述靶多肽的氨基酸序列，所述靶多肽既

a.是能够结合至少三种HLA II类分子的T细胞表位；也

b.包含能够结合受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位的氨基酸序列。

(iii)选择9至50个氨基酸的多肽片段窗口长度；

(iv)鉴定靶多肽的片段

(a)具有在步骤(iii)中选择的长度；且

(b)包含在步骤(ii)(a)至(d)的任一步骤中在所述模型群体中最高比例受试者中鉴定的氨基酸序列；

(v)任选地，针对另外的预定义标准，测试步骤(iv)中鉴定的片段，如果不满足另外的预定义标准，则拒绝该片段，并重复步骤(iv)以鉴定靶多肽的替代片段，所述靶多肽

(a)具有在步骤(iii)中选择的长度；且

(b)包含在步骤(iv)中在所述模型群体中次高比例的受试者中鉴定的氨基酸序列；

(vi)任选地在一个或多个另外的轮次中重复步骤(iv)和另外任选地步骤(v)，其中在每个轮次中鉴定靶多肽的另外的片段，并且其中如果在步骤(iv)中选择的并且在任何先前轮次的步骤(v)中未被拒绝的任何片段包含在步骤(ii)中为该受试者鉴定的氨基酸序列，则在每个轮次中将受试者从模型群体中排除；以及

(vii)设计或制备肽、编码肽的多核酸或载体、肽组、或编码肽组的一种或多种多核酸或载体，其中每个肽包含步骤(iv)、(v)或(vi)中鉴定的一个或多个靶多肽片段，任选地，其中所述多肽片段在N和/或C末端侧翼是非靶多肽抗原序列的一部分的另外的氨基酸。

14.根据权利要求13所述的方法，其中所述靶多肽由病原生物体、病毒或癌细胞表达，或是癌症睾丸抗原，任选地其中所述靶多肽选自表2至5中任一表中所列的抗原。

15.根据权利要求13或权利要求14所述的方法，所述方法还包括选择根据权利要求13

或权利要求14所述的方法设计或制备的用于在受试者中接种疫苗、提供免疫疗法或诱导细胞毒性和/或辅助T细胞应答的方法的一种或多种肽、多核酸或载体，任选地其中所述一种或多种肽或编码的肽中的每一种包含氨基酸序列，所述氨基酸序列是

(a)由病原生物、病毒或癌细胞表达的多肽的片段；以及

(b)能够结合所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位或能够结合所述受试者的至少三个HLAII类分子的T细胞表位。

16.如权利要求15所述的方法，还包括向所述受试者施用所述一种或多种肽、多核酸或载体。

17.根据权利要求13或权利要求14的方法设计和/或制备的，或包含或编码根据权利要求13或权利要求14的方法设计和/或制备的二或更多种肽的，肽组、多核酸或载体，或根据权利要求15的方法选择的肽组、多核酸或载体。

18.肽组或编码肽组的一种或多种多核酸或载体，其用于在目标人群的受试者中诱导针对一种或多种目标多肽的T细胞应答的方法中，其中所述肽或编码的肽中的每一种包含氨基酸序列，所述氨基酸序列是

(a)长度为9至50个氨基酸；以及

(b)包含所述一种或多种靶多肽的片段，其中在所述意图治疗的人类群体的受试者的至少10％中，所述片段包含：

a.所述靶多肽的氨基酸序列，所述靶多肽是能够结合所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位；

b.所述靶多肽的氨基酸序列，所述靶多肽是能够结合所述受试者的至少三个HLAII类分子的T细胞表位；

c.所述靶多肽的氨基酸序列，所述氨基酸序列包含能够结合至所述受试者的至少三个HLAI类分子的T细胞表位和能够结合至所述受试者的至少三个HLA II类分子的T细胞表位；或

d.所述靶多肽的氨基酸序列，所述靶多肽既

i.是能够结合至少三种HLA II类分子的T细胞表位；也

ii.包含能够结合受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位的氨基酸序列。

19.一种药物组合物或试剂盒，包含根据权利要求17或权利要求18的肽组，或编码所述的肽组的一种或多种多核酸或载体，其中所述组合物或试剂盒任选地包含至少一种药学上可接受的稀释剂、载体或防腐剂。

20.一种在受试者中接种疫苗、提供免疫疗法或诱导细胞毒性T细胞应答的方法，所述方法包括向所述受试者施用根据权利要求19所述的试剂盒的药物组合物或肽组、多核酸或载体。

21.权利要求20的方法，其中所述肽或编码肽中的一种或多种或每一种包含氨基酸序列，所述氨基酸序列是

(a)由病原生物、病毒或癌细胞表达的多肽的片段；以及

(b)能够结合所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位或能够结合所述受试者的至少三个HLAII类分子的T细胞表位。

制备疫苗组合物的方法

[0001] 序列表

[0002] 本申请包含序列表,该序列表已经以ASCII格式电子提交,并在此通过引用将其全部并入。2019年8月29日创建的所述ASCII副本被命名为N414322WO_SL.txt并且长度为1,450,065字节。

技术领域

[0003] 本公开涉及可用于疫苗和免疫疗法的肽和组合物,涉及编码此类肽的核酸和载体,涉及设计和产生此类肽的方法,涉及预测个体受试者是否将对用此类肽的治疗应答的方法,涉及包含此类肽的受试者特异性组合物,并且涉及使用此类肽的治疗方法。

背景技术

[0004] 几十年来,科学家们一直认为慢性疾病超出了人们自然防御的范围。然而,最近,在用阻断免疫抑制分子的抗体治疗的个体中观察到的显著肿瘤消退加速了癌症免疫疗法的领域。这些临床发现证明现有T细胞应答的再激活对个体产生有意义的临床益处。这些进展重新激发了开发诱导肿瘤特异性T细胞应答的癌症疫苗的热情。

[0005] 尽管有希望,目前的免疫疗法仅在一部分个体中有效。此外,由于个体中肿瘤消退和抗肿瘤T细胞应答的比率低,大多数癌症疫苗试验没有证明统计学上显著的效力。用试图包括HIV和变态反应领域的T细胞应答的治疗性和预防性疫苗也报告了类似的失败。需要克服免疫疗法和疫苗的临床失败。

发明内容

[0006] 在抗原呈递细胞(APC)中,蛋白质抗原被加工成肽。这些肽与HLA分子结合,并作为肽-HLA复合物呈递到细胞表面的T细胞上。不同的个体表达不同的HLA分子,不同的HLA分子呈递不同的肽。发明者已经证明,与受试者中表达的单个HLA I类等位基因结合的表位是必不可少的,但不足以诱发肿瘤特异性T细胞反应。相反,当由个体的至少三个HLA I类基因编码的HLA分子识别并呈递表位时,肿瘤特异性T细胞反应会被最佳激活(PCT/EP2018/055231、PCT/EP2018/055232、PCT/EP2018/055230、EP 3370065和EP 3369431)。

[0007] 基于这个发现,发明人已经开发了一种用于设计和制备在给定的目标人群中的最高比例受试者中诱导T细胞应答的肽的方法,并且已经使用这种方法设计了一组用于治疗癌症的肽。

[0008] 因此,在第一方面,本公开提供了长度多至50个氨基酸的肽,并且所述肽包含SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931中的任意氨基酸序列。

[0009] 在另一方面,本公开提供一种多核酸或载体,其编码长度多至50个氨基酸的肽,并且所述肽包含SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931中的任意氨基酸序列。

[0010] 在另一方面,本公开提供了一组二种或更多种肽或二种或更多种多核酸或载体,其中每种肽包含,或每种多核酸或载体编码包含选自SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931

中的不同的氨基酸序列。

[0011] 在另一方面，本公开提供了一种药物组合物或试剂盒，包含一种或多种肽、多核酸、载体或组，其中所述组合物或试剂盒任选地包含至少一种药学上可接受的稀释剂、载体或防腐剂。

[0012] 在另一方面，本发明提供了预测特定的人受试者对施用所述药物组合物或试剂盒的肽、多核酸或载体将具有细胞毒性T细胞应答和/或辅助T细胞应答的方法，该方法包括

[0013] (i)

[0014] a.确定药物组合物或试剂盒的一种或多种肽或编码的肽，包含能够结合受试者的至少三种HLA I类分子的T细胞表位的至少一种氨基酸序列；以及

[0015] b.预测受试者将对施用药物组合物具有细胞毒性T细胞应答。

[0016] (ii)

[0017] a.确定药物组合物或试剂盒的一种或多种肽或编码的肽，包含能够结合受试者的至少三种HLA II类分子的T细胞表位的至少一种氨基酸序列；以及

[0018] b.预测受试者将对施用药物组合物具有辅助T细胞应答。

[0019] 在另一方面，本公开提供了在受试者中接种疫苗、提供免疫疗法或诱导细胞毒性T细胞应答的方法，所述方法包括向受试者施用药物组合物或试剂盒的肽、多核酸或载体。

[0020] 在其他方面，本发明提供了

[0021] -上述药物组合物或试剂盒的肽、多聚核酸或载体，其用于在受试者中接种疫苗、提供免疫疗法或诱导细胞毒性T细胞应答的方法；以及

[0022] -如上所述的肽或多核酸在制备用于在受试者中接种疫苗、提供免疫疗法或诱导细胞毒性T细胞应答的药物中的用途。

[0023] 在另一方面，本公开提供了制备用于治疗特定人受试者的癌症的方法中的药物组合物或试剂盒的方法，所述方法包括

[0024] a.选择二种或更多种肽，或一种或更多种多核酸或编码至少二种肽的载体，其中每种肽或编码的肽包含选自SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931的核酸序列，其包含能够结合所述特定人受试者的至少三个HLA I类等位基因的T细胞表位和/或能够结合所述特定人受试者的至少三个HLA II类等位基因的T细胞表位；以及

[0025] b.制备包含在步骤a中选择的二种或更多种肽、或一种或更多种多核酸或载体的药物组合物或试剂盒。

[0026] 在另一方面，本发明提供了一种设计或制备肽、或编码肽的多核酸或载体、或肽组(panel)、或编码肽组的一种或多种多核酸或载体的方法，所述方法用于诱导针对靶多肽的T细胞应答的方法，该方法包括

[0027] (i)选择或定义包含多个受试者的模型人类群体，每个受试者由HLA I类基因型及/或HLA II类基因型定义；

[0028] (ii)对于所述模型群体的每个受试者鉴定：

[0029] (a)所述靶多肽的氨基酸序列，所述氨基酸序列是能够结合所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位；

[0030] (b)所述靶多肽的氨基酸序列，所述氨基酸序列是能够结合所述受试者的至少三个HLA II类分子的T细胞表位；

[0031] (c)所述靶多肽的氨基酸序列,所述靶多肽包含能够结合所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位和能够结合所述受试者的至少三个HLA II类分子的T细胞表位;或

[0032] (d)所述靶多肽的氨基酸序列,所述靶多肽既

[0033] i.是能够结合至少三种HLA II类分子的T细胞表位;也

[0034] ii包含能够结合受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位的氨基酸序列;

[0035] (iii)选择9至50个氨基酸的多肽片段窗口长度;

[0036] (iv)鉴定靶多肽的片段

[0037] (a)具有在步骤(iii)中选择的长度;且

[0038] (b)包含在步骤(ii)(a)至(d)的任一步骤中在所述模型群体中最高比例受试者中鉴定的氨基酸序列;

[0039] (v)任选地,针对另外的预定义标准,测试步骤(iv)中鉴定的片段,如果不满足另外的预定义标准,则拒绝该片段,并重复步骤(iv)以鉴定靶多肽的替代片段,所述靶多肽

[0040] (a)具有在步骤(iii)中选择的长度;且

[0041] (b)包含在步骤(iv)中在所述模型群体中次高比例的受试者中鉴定的氨基酸序列;

[0042] (vi)任选地在一个或多个另外的轮次中重复步骤(iv)和另外任选地步骤(v),其中在每个轮次中鉴定靶多肽的另外的片段,并且其中如果在步骤(iv)中选择的并且在任何先前轮次的步骤(v)中未被拒绝的任何片段包含在步骤(ii)中为该受试者鉴定的氨基酸序列,则在每个轮次中将受试者从模型群体中排除;以及

[0043] (vii)设计或制备肽、编码肽的多核酸或载体、肽组、或编码肽组的一种或多种多核酸或载体,其中每个肽包含步骤(iv)、(v)或(vi)中鉴定的一个或多个靶多肽片段,任选地,其中所述多肽片段在N和/或C末端侧翼是非靶多肽抗原序列的一部分的另外的氨基酸。

[0044] 在另一方面,本公开提供了根据所述方法设计和/或制备的肽组、多核酸或载体,或包含或编码根据所述方法设计和/或制备的二种或更多种肽。

[0045] 在另一方面,本公开提供了用于在目标人群的受试者中诱导针对一种或多种靶多肽的T细胞应答的方法的,肽组或编码肽组的一种或多种多核酸或载体,其中所述肽或编码的肽中的每一种包含氨基酸序列,所述氨基酸序列是

[0046] (a)长度为9至50个氨基酸;且

[0047] (b)包含所述一种或多种靶多肽的片段,其中在所述意图治疗的人类群体的受试者的至少10%中,所述片段包含:

[0048] a.所述靶多肽的氨基酸序列,所述靶多肽是能够结合所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位;

[0049] b.所述靶多肽的氨基酸序列,所述靶多肽是能够结合所述受试者的至少三个HLA II类分子的T细胞表位;

[0050] c.所述靶多肽的氨基酸序列,所述氨基酸序列包含能够结合至所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位和能够结合至所述受试者的至少三个HLA II类分子的T细胞表位;或

[0051] d.所述靶多肽的氨基酸序列,所述靶多肽既

[0052] i.是能够结合至少三种HLA II类分子的T细胞表位;也

[0053] ii包含能够结合受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位的氨基酸序列。

[0054] 在另一方面,本公开提供了一种药物组合物或试剂盒,包含所述肽组、或编码所述肽组的一种或多种多核酸或载体,其中所述组合物或试剂盒任选地包含至少一种药学上可接受的稀释剂、载体或防腐剂。

[0055] 在另一方面,本公开提供了在受试者中接种疫苗、提供免疫疗法或诱导细胞毒性T细胞应答的方法,所述方法包括向受试者施用药物组合物或试剂盒的肽、或肽组、多核酸或载体。

[0056] 现在将通过示例而非限制并参考附图更详细地描述本公开。当给出本公开时,许多等同的修改和变化对于本领域技术人员将是显而易见的。因此,所阐述的本发明的示范性实施例被认为是说明性的而非限制性的。在不脱离本公开的范围的情况下,可以对所描述的实施例进行各种改变。本文引用的所有文献,无论是上文还是下文,均明确地以全文引用的方式并入本文中。

[0057] 本公开包括所描述的方面和优选特征的组合,除了这种组合明显是不允许的或被声明为明确避免的情况之外。如在本说明书和所附权利要求书中所使用的,单数形式“一种(a、an)”包括复数指示物,除非内容另有明确说明。因此,例如,提及“一种肽(a peptide)”包括二或更多种这样的肽。

[0058] 本文中使用的章节标题仅仅是为了方便,而不应被解释为以任何方式进行限制。

附图说明

[0059] 图1

[0060] HLA限制性PEPI生物标志物的ROC曲线。

[0061] 图2

[0062] 测定诊断准确性的≥1 PEPI3+测试的ROC曲线。AUC＝0.73为PEPI生物标志物分类了合理的诊断价值。

[0063] 图3

[0064] 相对于通过CD8+T细胞应答试验中使用的肽库中的现有技术试验所测量CD8+T细胞应答的,HLA I类PEPI3+的分布。A:HLA I类限制性PEPI3+。T细胞应答和PEPI3+肽中的90％的整体一致性(OPA)证明了本发明的肽在预测个体的疫苗诱导的T细胞应答个体组中的效用(p＜0.001)。B:B:HLA I类限制性表位(PEPI1+)。预测表位和CD8+T细胞应答之间的OPA为25％(无统计学意义)。真阳性(TP),检测到肽和T细胞应答(阴影);真阴性(TN):既没有检测到肽也没有检测到T细胞应答(阴影);假阴性(FN),仅检测到T细胞应答;假阳性(FP),仅检测到肽。

[0065] 图4

[0066] PEPITest预测CD4肽与使用SLP疫苗治疗的患者中肽池测量的T细胞反应性之间的相关性。A:≥3HLA II类等位基因结合PEPI;B:单一HLA II类等位基因结合表位。灰色:真阳性(TP)和真阴性(TN)应答;白色:假阴性(FN)和假阳性(FP)应答。TP:检测肽和T细胞应答;TN:既没有检测到肽也没有检测到T细胞应答;FN:仅检测到T细胞应答;FP:仅检测到肽。

[0067] 图5

[0068] 定义20例VIN-3和5例宫颈癌患者的HPV-16LPV疫苗特异性T细胞应答组的多种HLA结合肽。将PEPI计数与用LPV处理后的临床应答进行比较。根据HLA I类PEPI(A)预测的CD8+T细胞应答者和根据HLA II类PEPI(B)预测的CD4+T细胞应答者。VIN-3患者中,HLA I类(C)和II类(D)PEPI计数与3个月随访时的临床应答之间的相关性。预测的T细胞应答者:PEPI计数≥1。灰色柱,患有HPV16E6和/或E7特异性T细胞应答的患者;虚线栏,患者没有T细胞应答。CR,完全临床应答者;PR,部分临床应答者;NR,临床无反应者。

[0069] 图6

[0070] 定义2例患者的HPV疫苗特异性T细胞应答组的多种HLA I类结合肽。A:HPV疫苗中的四种HPV抗原。方框表示氨基酸序列从N末端到C末端的长度。B:鉴定2例患者的多种HLA结合肽的方法:患者的HLA序列标记为患者ID的4位HLA基因型。可以用线表示分别可与患者12-11和患者14-5HLA(PEPI1+)结合的54和91个表位的第一个氨基酸的位置。PEPI2代表选自可以结合患者的多种HLA(PEPI2+)的PEPI1+的肽。PEPI3代表可与患者的≥3种HLA结合的肽(PEPI3+)。PEPI4代表可与患者的≥4种HLA结合的肽(PEPI4+)。PEPI5代表可与患者的≥5种HLA结合的肽(PEPI5+)。PEPI6代表可与患者的6种HLA结合的肽(PEPI6)。C:2例患者的DNA疫苗特异性PEPI3+组表征其疫苗特异性T细胞应答。

[0071] 图7

[0072] IMA901疫苗靶向TSA表达的可能性。

[0073] 图8

[0074] IMA901肽疫苗的TUMAP对2,915常见等位基因的HLA I类等位基因结合特性。(A)51例HLA-A*02+RCC患者的I类基因型(6个等位基因)。底部的百分比表示TUMAP可以结合的HLA的比例。深灰色的线表示结合HLA等位基因。(B)概率表示可以以其三个或更多HLA呈递指定数量的TUMAP的患者比例。AP表示可产生至少一种PEPI的抗原的数目。在这种情况下,由于抗原和预测的PEPI都是9mer(按照出现的顺序分别为SEQ ID NO:5958至5966),AP=TUMAP=PEPI。

[0075] 图9

[0076] 针对任何TUMAP测量的免疫应答与针对肿瘤上表达的抗原(AGP)的免疫应答之间的相关性。

[0077] 图10

[0078] 免疫应答率(IRR)和PEPI得分之间、客观应答率(ORR)和MultiPEPI得分之间以及客观应答率(ORR)和MultiAg PEPI得分之间的相关性研究。A:研究PEPI分数和治疗性疫苗的免疫应答率之间的关系的初步实验($r^2=0.7$,$p=0.001$)B:IRR-PEPI得分图。($R^2=0.47$,$p=0.001$)。C:治疗性疫苗的MultiPEPI评分和临床应答率($r^2=0.75$,$p=0.001$)。D:针对MultiPEPI评分绘制ORR($r^2=0.12$,$p=0.124$)。E:针对具有多抗原的疫苗的MultiAgPEPI评分绘制ORR($r^2=0.64$;$p=0.009$)。F:针对具有多抗原的疫苗的MultiPEPI评分绘制ORR($r^2=0.87$;$p=0.0002$)。G:针对靶抗原阳性疾病患者的MultiPEPI评分绘制ORR($r^2=0.56$而$p=0.005$)。深灰色虚线指示95%置信区间;浅灰色虚线表示趋势线。

[0079] 图11

[0080] OBERTO试用设计(NCT03391232)

[0081] 图12

[0082] 在OBERTO试验的CRC组体中的抗原表达(n＝10)。A:基于2391个活检组织测定的PolyPEPI1018来源抗原的表达频率。B:指定为7种TSA中的3种的PolyPEPI1018疫苗设计在CRC肿瘤中以高于95％的概率表达。C:平均来说,10名患者中有4名预先存在针对每种靶抗原的免疫应答,这是指TSA在患者肿瘤中的真实表达。D:10名患者中有7名预先存在的针对最少1种TSA、平均针对3种不同TSA的免疫应答。

[0083] 图13

[0084] PolyPEPI1018在CRC患者中的免疫原性证实了适当的靶抗原和靶肽选择。上部:PolyPEPI1018疫苗组合物(SEQ ID NO:5967)的靶肽选择和肽设计。选择来自CRC特异性CTA(TSA)的二个15mer,其在代表性模型群体中含有9mer PEPI3+优势。表:在CRC群体的临床前研究期间,已经回顾性地测试了PolyPEPI1018疫苗,并且通过产生PEPI3+证明其在所有测试个体中对至少一种抗原是免疫原性的。在90％的患者中测定对至少一种抗原特异的临床免疫应答,在90％的患者中也发现了针对至少2种抗原的多抗原免疫应答,在80％的患者中也发现了针对至少3种抗原的多抗原免疫应答,如用对包含疫苗的肽特异测定的IFNγ荧光斑点测定法所测试的。

[0085] 图14

[0086] PolyPEPI1018治疗的临床应答。A:OBERTO试验(NCT03391232)的临床应答的泳池分布图。B:无联合进展存活(PFS)和AGP计数。C:肿瘤体积与AGP的联合计数。

[0087] 图15

[0088] 热点分析的说明。分析鉴定了7位患者(患者1至患者7)的样品中氨基酸序列PIVQNIQGQMVHQAISPRTLNAWVKVVEEK(SEQ ID NO:5932)的肽的热点。叉(×)表明能够结合至少三个HLA I类等位基因(HLA I类结合性PEPI3+)的T细胞表位(9mer)的位置。浅色阴影表示能够结合至少四个II类HLA等位基因(HLA II类结合性PEPI4+)的T细胞表位(15mer)。深色阴影表示具有嵌入的HLA I类结合性PEPI3+的HLA II类结合性PEPI4+。在7名患者的最大数量中,显示了含有HLA I类结合性PEPI3+的20mer。在7名患者的最大数量中,含有具有嵌入的HLA I类结合性PEPI3+的HLA II类结合性PEPI4+的20mer被表示为第1热点20mer。可以在本公开的方法的第一循环(cycle)中选择该第1热点。在第二循环中,可以忽略患者1,患者2和患者4,并且选择所指示的第二热点。

[0089] 图16

[0090] 30个循环后热点氨基酸序列选择的分布。选择少于30种肽表明在模型群体中不能鉴定到满足HLA结合标准的更多序列(含有II类HLA结合PEPI4+的20mer具有嵌入的I类HLA结合PEPI3+)。

[0091] 图17

[0092] 个性化接种的过程。过程包括唾液样品收集和肿瘤病理学的肿瘤样品收集。基于所确定的患者的HLA基因型和患者的肿瘤类型,选择12种肿瘤和患者特异性肽,并制备包含所选择的12种肽的个性化疫苗。然后由肿瘤科医生给患者接种疫苗。

[0093] 图18

[0094] “模拟”乳腺癌临床试验的可行性研究。该实施例证明＞80％的患者可以用选自有100种不同肽的“库房(Warehouse)”的“患者特异性”疫苗治疗。

[0095] 图19

[0096] 患者A肿瘤细胞中疫苗抗原表达的可能性。疫苗方案中13种靶抗原中有5种在患者肿瘤中表达的概率超过95％。因此,13种肽疫苗可以一起以95％的概率诱导针对至少5种卵巢癌抗原的免疫应答(AGP95)。每种肽在患者A中诱导免疫应答的概率为84％。AGP50是平均值(期望值)＝7.9(它是疫苗攻击患者A肿瘤的有效性的量度)。

[0097] 图20

[0098] 患者A的治疗方案。

[0099] 图21

[0100] 患者A的T细胞应答。左:疫苗肽特异性T细胞应答(20mer)。右:CD8+细胞毒性T细胞应答(9mer)。预测的T细胞应答通过生物测定证实。

[0101] 图22

[0102] 用个性化(PIT)疫苗治疗患者A的MRI表现。这种晚期、高度预处理的卵巢癌患者在PIT疫苗治疗后具有意想不到的客观应答。这些MRI表现表明,PIT疫苗与化疗相结合可显著降低肿瘤负荷。在肿瘤发生的组织的正常细胞上不出现。

[0103] 图23

[0104] 疫苗抗原在患者B的肿瘤细胞中表达的可能性和患者B的治疗方案。A:疫苗中13种靶抗原中的4种在患者肿瘤中表达的可能性超过95％。B:因此,12种肽疫苗可以一起以95％的概率诱导针对至少4种乳腺癌抗原的免疫应答(AGP95)。每种肽在患者B中诱导免疫应答的概率为84％。AGP50＝6.45;它是疫苗攻击患者A肿瘤的有效性的量度。C:患者B的治疗方案。

[0105] 图24

[0106] 患者A的T细胞应答。左:疫苗肽特异性的T细胞应答P(20mer)。右:疫苗特异性CD8+细胞毒性T细胞应答的动力学(9mer)。预测的T细胞应答通过生物测定证实。

[0107] 图25

[0108] 患者C的治疗方案。

[0109] 图26

[0110] 患者C的T细胞应答。A:疫苗肽特异性T细胞应答(20mer)。B:疫苗肽特异性CD8+T细胞应答(9mer)。C-D:分别为疫苗特异性CD4+T细胞和CD8+细胞毒性T细胞应答(9mer)的动力学。14个月后存在CD4和CD8T细胞特异性的长期免疫应答。

[0111] 图27

[0112] 患者D的治疗方案。

[0113] 图28

[0114] 用于PIT治疗的患者D的免疫应答。A:CD4+特异性T细胞应答(20mer)和B:CD8+T细胞特异性T细胞应答(9mer)。0.5至4个月是指最后一次疫苗接种之后的时间跨度,直到PBMC样本采集。

[0115] 序列描述

[0116] SEQ ID NO:1至2786列出了表25A中描述的来自癌抗原的“热点”序列。

[0117] SEQ ID NO:2787至5431列出了表28中描述的来自癌抗原的“热点”序列。

[0118] SEQ ID NO:5432到5931列出了表25B中描述的来自癌抗原的“热点”序列。

[0119] SEQ ID NO:5932列出了图15中所示的氨基酸序列。

[0120] SEQ ID NO:5933到5945列出了表31中描述的患者A的个性化疫苗的序列。

[0121] SEQ ID NO:5946到5957列出了表33中描述的患者B的个性化疫苗的序列。

[0122] SEQ ID NO:5958-5966列出了图8所示的9mer序列。

[0123] SEQ ID NO:5967列出了图13中所示的PolyPEPI1018疫苗肽。

具体实施方式

[0124] HLA基因型

[0125] HLA由人基因组的大多数多态性基因编码。每个人具有三种HLA I类分子(HLA-A*,HLA-B*,HLA-C*)和四种HLA II类分子(HLA-DP*,HLA-DQ*,HLA-DRBi*,HLA-DRB3*/4*/5*)的母系和父系等位基因。实际上,每个人表达6种HLA I类分子和8种HLA II类分子的不同组合,它们呈递来自相同蛋白质抗原的不同表位。

[0126] 用于表示HLA分子的氨基酸序列的命名法如下:基因名称*等位基因:蛋白质编号,例如,其可以看起来像:HLA-A*02:25。在该实例中,“02”指等位基因。在大多数情况下,等位基因由血清型c定义,这意味着给定等位基因的蛋白质在血清学测定中不会相互反应。蛋白质编号(上述实例中的25)在发现蛋白质时连续分配。为具有不同氨基酸序列的任何蛋白质指定新的蛋白质编号(例如,甚至序列中的一个氨基酸改变被认为是不同的蛋白质编号)。关于给定基因座的核酸序列的进一步信息可以附加到HLA命名法,但是这种信息对于本文所述的方法不是必需的。

[0127] 个体的HLA I类基因型或HLA II类基因型可以指个体的每种I类或II类HLA的实际氨基酸序列,或者可以指如上所述的命名法,其最低限度地指定每个HLA基因的等位基因和蛋白质编号。在一些实施方案中,通过测定来自个体的生物样本获得或确定个体的HLA基因型。生物样本通常含有受试者DNA。生物样本可以是例如血液、血清、血浆、唾液、尿液、呼气、细胞或组织样本。在一些实施方案中,生物样本是唾液样本。在一些实施方案中,生物样本是口腔拭子样本。可以使用任何合适的方法获得或确定HLA基因型。例如,可以使用本领域已知的方法和方案通过对HLA基因座测序来确定序列。在一些实施方案中,使用序列特异性引物(SSP)技术确定HLA基因型。在一些实施方案中,使用序列特异性寡核苷酸(SSO)技术确定HLA基因型。在一些实施方案中,使用基于序列的分型(SBT)技术确定HLA基因型。在一些实施方案中,使用下一代测序确定HLA基因型。或者,可以将个体的HLA组存储在数据库中,并使用本领域已知的方法进行访问。

[0128] HLA表位结合

[0129] 给定的受试者的HLA将仅向T细胞呈递通过在APC中加工蛋白质抗原产生的有限数量的不同肽。如本文所用,当与HLA相关使用时,“显示(display)”或“呈递(present)”是指肽(表位)和HLA之间的结合。在这方面,“显示”或“呈递”肽与“结合(binding)”肽同义。

[0130] 如本文所用,术语“表位(epitope)”或“T细胞表位(T cell epitope)”是指包含在蛋白质抗原内的连续氨基酸序列,其具有对(能够结合)一种或多种HLA的结合亲和力。表位是HLA和抗原特异性的(HLA表位对,用已知方法预测),但不是受试者特异性的。

[0131] 本文所用的术语“个人表位”或“PEPI”将受试者特异性表位与HLA特异性表位区分开。“PEPI”是由多肽的连续氨基酸序列组成的多肽片段,所述多肽是能够结合特异性人受试者的一种或多种HLA I类分子的T细胞表位。换句话说,“PEPI”是被特定个体的HLA I类组

识别的T细胞表位。与“表位”相反,PEPI是个体特异性的,因为不同个体具有各自结合不同T细胞表位的不同HLA分子。在适当情况下,PEPI也可以指由多肽的连续氨基酸序列组成的多肽片段,所述多肽是能够结合特异性人受试者的一种或多种HLA II类分子的T细胞表位。

[0132] 本文所用的“PEPI1”是指可与个体的一种HLA I类分子(或在特定情况下,HLA II类分子)结合的肽或多肽片段。“PEPI1+”是指可以与个体的一种或多种HLA I类分子结合的肽或多肽片段。

[0133] “PEPI2”指能够结合个体的二种HLA I类(或II类)分子的肽或多肽片段。“PEPI2+”是指可以结合个体的二或更多种HLA I类(或II类)分子的肽或多肽片段,即根据本公开的方法鉴定的片段。

[0134] “PEPI3”是指能够结合个体的三种HLA I类(或II类)分子的肽或多肽片段。“PEPI3+”是指可以结合个体的三或更多种HLA I类(或II类)分子的肽或多肽片段。

[0135] “PEPI4”是指能够结合个体的四种HLA I类(或II类)分子的肽或多肽片段。“PEPI4+”是指可以结合个体的四或更多种HLA I类(或II)分子的肽或多肽片段。

[0136] “PEPI5”是指能够结合个体的五种HLA I类(或II类)分子的肽或多肽片段。“PEPI5+”是指能够结合个体的五或更多种HLA I类(或II类)分子的肽或多肽片段。

[0137] “PEPI6”是指能够结合个体的所有六种HLA I类(或六种HLA II类)分子的肽或多肽片段。

[0138] 一般而言,HLA I类分子呈递的表位长度为约9个氨基酸。然而,为了本公开的目的,只要表位能够结合HLA,表位长度可以多于或少于9个氨基酸。例如,能够被一个或多个HLA I类分子呈递(结合至)的表位的长度可以在7个、或8个、或9个和9个、或10个、或11个氨基酸之间。

[0139] 使用本领域已知的技术,可以确定将与已知HLA结合的表位。可以使用任何合适的方法,条件是使用相同的方法来确定直接比较的多种HLA表位结合对。例如,可以使用生化分析。也可以使用已知由给定HLA结合的表位列表。还可以使用预测或建模软件来确定哪些表位可以被给定的HLA结合。表1中提供实例。在一些情况下,如果T细胞表位的IC50或预测的IC50小于5000nM、小于2000nM、小于1000nM或小于500nM,则T细胞表位能够与给定HLA结合。

[0140] 表1用于确定表位-HLA结合的示例软件

[0141]

表位预测工具	网址
美国国立卫生研究院（NIH）的BIMAS	www-bimas.cit.nih.gov/molbio/hla_bind/
图宾根大学的PPAPROC	
爱德华詹纳疫苗研究所的MHCPred	
爱德华詹纳疫苗研究所的EpiJen	http://www.ddg-pharmfac.net/epijen/EpiJen/EpiJen.htm
生物序列分析中心的NetMHC	http://www.cbs.dtu.dk/services/NetMHC/
图宾根大学的SVMHC	http://abi.inf.uni-tuebingen.de/Services/SVMHC/
海德堡生物医学信息学的SYFPEITHI	http://www.syfpeithi.de/bin/MHCServer.dll/EpitopePrediction.htm
图宾根大学的ETK EPITOOLKIT	http://etk.informatik.uni-tuebingen.de/epipred/
耶路撒冷希伯来大学的PREDEP	http://margalit.huji.ac.il/Teppred/mhc-bind/index.html
MIF生物信息学的RANKPEP	http://bio.dfci.harvard.edu/RANKPEP/
免疫表位数据库的IEDB	http://tools.immuneepitope.org/main/html/tcell_tools.html
表位数据库	网址
印度昌迪加尔微生物技术研究所的MHCBN	http://www.imtech.res.in/raghava/mhcbn/
海德堡生物医学信息学的SYFPEITHI	http://www.syfpeithi.de/
爱德华詹纳疫苗研究所的AntiJen	http://www.ddg-pharmfac.net/antijen/AntiJen/antijenhomepage.htm
MIF Bioinformatics的MHC配体EPIMHC数据库	http://immunax.dfci.harvard.edu/epimhc/
免疫表位数据库的IEDB	http://www.iedb.org/

[0142] HLA分子调节T细胞应答。直到最近，对单个表位的免疫应答的触发被认为是通过由单个HLA等位基因的产物，即HLA限制性表位对表位的识别来确定的。然而，HLA限制性表位仅在一部分个体中诱导T细胞应答。尽管HLA等位基因匹配，在一个个体中激活T细胞应答的肽在其他个体中是无活性的。因此，以前不知道个体HLA分子如何呈递正激活T细胞应答的抗原衍生表位。

[0143] 发明人发现，个体表达的多种HLA需要呈递相同的肽以触发T细胞应答。因此，对特定个体具有免疫原性(PEPI)的多肽抗原(表位)的片段是那些可以与该个体表达的多个I类(激活的细胞毒性T细胞)或II类(激活的辅助性T细胞)HLA结合的片段。该发现描述于PCT/EP2018/055231、PCT/EP2018/055232、PCT/EP2018/055230、EP 3370065和EP 3369431中。

[0144] 肽

[0145] 在一些方面，本公开提供了一种肽，包含如表25A所示的SEQ ID NO:1至2786和/或如表25B所示的SEQ ID NO:5432至5931和/或如表28所示的SEQ ID NO:2787到5431中的任一氨基酸序列。SEQ ID NO:1至5931中任一项是TAA的20mer片段，其中在～16,000个受试者的模型群体的受试者中，所述片段包含至少一个II类HLA结合性PEPI4+和至少一个嵌入II类HLA结合性PEPI4+中的I类HLA结合性PEPI3+。

[0146] 如本文所述鉴定20mer片段以使模型群体中受试者的数量最大化，其将响应于施用包含每个TAA的20mer之一的至少一种肽而产生对相应TAA的T细胞应答。因此，各自包含不同的一个或多个20mer片段或其合适的亚选择的肽组代表理想的肽组，从其中选择肽用于在个体人受试者中接种抗癌疫苗或提供免疫疗法以治疗癌症。

[0147] 在一些情况下，本公开书的肽或肽组可(各自)包含SEQ ID NO:1至2786和/或2787至5431和/或5432至5931中的一种或多种序列，所述序列是与一种或多种特定癌症或癌症类型相关的多肽抗原的片段，所述癌症或癌症类型例如表24的那些，或本文所述的任何其它癌症。肽可以选自这样的组以治疗相应的癌症。在一些情况下，多肽抗原可在癌症中具有最低表达率，例如在至少约1％、2％、3％、4％、5％、10％、15％、20％、25％、30％、35％、40％、45％、50％、55％、60％、65％、70％、75％、80％、85％、90％、95％的此类癌症中表达。

在一些情况下，多肽抗原可以是在癌症中最频繁表达的那些，例如50、45、40、35、30、25、20、15、10、9、8、7、6、5、4、3、2或1种最常表达的抗原，例如如表24中所列。

[0148] 在一些情况下，肽或肽组可以(各自)包含含有SEQ ID NO:1至2786和/或2787至5431和/或5432至5931序列的多肽，其为特异性多肽抗原或多肽抗原家族的片段，如本文所述的任何。肽可以选自这样的组以治疗与抗原表达相关的相应癌症。

[0149] 在一些情况下，肽或肽组可以(各自)包含含有SEQ ID NO:1至2786和/或2787至5431和/或5432至5931的序列的肽，其由发明人在本文所述的方法的最初的29、28、27、26、25、24、23、22、21、20、19、18、17、16、15、14、13、12、11、10、9、8、7、6、5、4、3、2或1个循环中鉴定。在较早的循环中鉴定的肽是那些能够在模型群体中最高比例受试者中诱导针对相应靶抗原的T细胞应答的肽。

[0150] 在一些情况下，肽组包含肽，所述肽一起包含表25或表28的氨基酸序列的任何2、3、4、5、6、7、8、9、10、15、20、25、30、40或50、100、200、300、400或500个，或者表25或表28的氨基酸序列，所述序列是选自表24中所列的癌症的相关TAA的片段，和/或获自本文所述的最初的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或30个循环。

[0151] 在一些情况下，所述组包含或编码至少二个或至少3、4、5、6、7、8、9、10、11或12个选自SEQ ID NO:1至2786和/或2787至5431和/或5432至5931的氨基酸序列，其各自包含能够结合个体人受试者的至少三个I类HLA等位基因的T细胞表位和/或能够结合个体人受试者的至少三个II类HLA等位基因的T细胞表位。这种组是对可用于在特定受试者中诱导T细胞应答的肽的个性化的受试者特异性选择。

[0152] 在一些情况下，本公开书的肽的长度可以是多至50、45、40、35、34、33、32、31、30、29、28、27、26、25、24、23、22、21或20个氨基酸。所述肽包含选自SEQ ID NO:1至2786和/或2787至5431和/或5432至5931中任一序列的氨基酸序列或由其组成，所述氨基酸序列是表24所示的一个或多个TAA的片段。在一些情况下，所述片段可包含较长的TAA片段或由其组成，其中SEQ ID NO:1至2786和/或2787至5431和/或5432至5931的序列是其一部分。如本文所用，术语“片段”或“多肽的片段”是指一串氨基酸或氨基酸序列，它们相对于上述或一种参考多肽通常具有减少的长度并且在共同部分上包含与参考多肽相同的氨基酸序列。在适当的情况下，根据本公开的这种片段可以包括在其作为组分的较大多肽中。

[0153] 在一些情况下，具有SEQ ID NO:1至2786中任一的氨基酸序列，或具有包含SEQ ID NO:1至2786中任一的氨基酸序列的TAA的较长片段的所述片段，在N和/或C末端侧翼是非TAA连续序列的一部分的另外的氨基酸。在一些情况下，所述序列在N和/或C末端侧翼是多至30或25或20或15或10，或9或8或7或6或5或4或3或2或1个另外的氨基酸。

[0154] 在一些方面，本公开提供编码一种或多种肽的多核酸或载体，其中所编码的肽包含如表25或28所示的SEQ ID NO:1至2786和/或2787至5431和/或5432至5931和/或2787至3997中的任一条氨基酸序列，或其组(panels)。本文所有公开内容(涉及包含SEQ ID NO:1至2786中所示的且显示于表25中的任意氨基酸序列(和涉及这样的肽的方法和组合物))也同样适用于编码一种或多种肽的多核酸或载体，所述肽包含SEQ ID NO:1至2786和/或2787至5431和/或5432至5931和/或2787至3997的任意氨基酸序列。

[0155] 设计和生产肽的方法

[0156] 在一些实施方案中，本公开提供了设计和制备一种或多种肽或编码肽的多核苷酸或载体的方法，其可最佳地用于在给定的受试者靶标群体中诱导针对一种或多种给定多肽抗原的T细胞应答。

[0157] 靶多肽

[0158] 如本文所用，术语“多肽”是指全长蛋白质、蛋白质的一部分、或表征为一串氨基酸的肽。如本文所用，术语“肽”指短多肽。肽的长度通常在9、或10、或11、或12、或13、或14、或15或16或17或18或19或20和20、或21、或22、或23、或24、或25、或26、或27、或28、或29、或30、或35、或40、或45、或50个氨基酸之间。在一些情况下，肽不是9mer或15mer。短肽可能不被抗原呈递细胞加工，因此外源结合到HLA分子上。因此，注射的短肽可以大量结合具有表面HLA I类的所有有核细胞的HLA分子，导致耐受性。另一方面，多肽的加工不如长肽有效。因此，在一些情况下，肽的长度可以是约20或25至约30或35个氨基酸。

[0159] 该方法可包括选择一种或多种靶多肽抗原的步骤。靶多肽抗原可以是任何多肽或多肽片段，所述靶多肽抗原被希望在靶群体的受试者中产生针对其的T细胞应答，例如CD4+ T细胞应答或CD8+T细胞应答。通常，靶多肽是由病原生物(例如，细菌或寄生虫)、病毒、癌细胞或其它疾病相关细胞表达的多肽。在一些情况下，多肽可以存在于取自受试者(特定或目标人类群体)的样本中。

[0160] 所述多肽可以是肿瘤特异性抗原(TSA)和/或癌症或肿瘤相关抗原(TAA)。TAA是在癌症或肿瘤细胞中表达的蛋白质。TAA的实例包括新的抗原(新抗原，其在肿瘤发生过程中被表达并在正常或健康细胞中从类似蛋白改变)、癌基因和肿瘤抑制基因的产物、过表达或异常表达的细胞蛋白(例如HER2、MUC1)、致癌病毒(例如EBV、HPV、HCV、HBV、HTLV)产生的抗原、癌睾丸抗原(CTA，例如MAGE家族，NY-ESO)和细胞类型特异性分化抗原(例如MART-1)。TAA序列可以通过实验、或已发表的科学论文、或公众可获得的数据库找到，如路德维希癌症研究所(www.cta.lncc.br/)，癌症免疫数据库(cancerimmunity.org/peptide/)和TANTIGEN肿瘤T细胞抗原数据库(cvc.dfci.harvard.edu/tadb/)。示例性TAA列于表2和22中。TSA是由特定类型的肿瘤产生的抗原，其不出现在肿瘤在其中发展的组织的正常细胞上。TSA包括共有抗原、新抗原和独特抗原。在一些情况下，多肽在正常健康细胞或组织中不表达或最低程度表达，但在具有特定疾病或病状(诸如一种类型的癌症或源自特定细胞类型或组织的癌症)的受试者的高比例(以高频率)中表达(在那些细胞或组织中)。或者，多肽可在正常健康细胞中以低水平表达，但在患病(例如癌症)细胞或患有上述疾病或病症的受试者中以高水平表达(过量表达)。在一些情况下，上述多肽相对于正常健康细胞或受试者在至少1％、2％、3％、4％、5％、10％、15％、20％、25％、30％、35％、40％、45％、50％、55％、60％、65％、70％、75％、80％、85％、90％、95％或更多的此类个体或受试者匹配的人类亚群或模型或目标群体中以高水平表达。例如，所述群体可以通过种族、地理位置、性别、年龄、疾病、疾病类型或阶段、基因型或一种或多种生物标志物的表达来匹配。表达频率(比率)可以从出版的数字和科学出版物中确定。

[0161] 在一些情况下，靶多肽是癌睾丸抗原(CTA)。CTA通常不会在健康细胞的胚胎发育之外表达。在健康成人中，CTA表达限于不表达HLA且不能向T细胞呈递抗原的雄性生殖细胞。因此，当在癌细胞中表达时，CTA被认为是表达的新抗原。CTA的表达(i)对肿瘤细胞是特异性的，(ii)在转移瘤中比在原发肿瘤中频率更高，以及(iii)在同一患者的转移肿瘤中是

保守的(Gajewski ed.Targeted Therapeutics in Melanoma.Springer New York.2012)。

[0162] 在一些情况下,靶多肽是与癌细胞或特定类型的癌细胞或特定组织细胞类型的癌相关或由其表达的多肽。在一些情况下,癌症是实体瘤。在一些情况下,癌症是癌、肉瘤、淋巴瘤、白血病、生殖细胞瘤或胚细胞瘤。癌症可能是激素相关或依赖性癌症(例如雌激素或雄激素相关癌症)或非激素相关或依赖性癌症。肿瘤可以是恶性的或良性的。癌症可以是转移性或非转移性的。癌症可以与病毒感染或病毒癌基因相关或不相关。在一些情况下,癌症是选自黑素瘤、肺癌、肾细胞癌、结肠直肠癌、膀胱癌、神经胶质瘤、头颈癌、卵巢癌、非黑素瘤皮肤癌、前列腺癌、肾癌、胃癌、肝癌、宫颈癌、食管癌、非霍奇金淋巴瘤、白血病、胰腺癌、子宫体癌、唇癌、口腔癌、甲状腺癌、脑癌、神经系统癌、胆囊癌、喉癌、咽癌、骨髓瘤、鼻咽癌、霍奇金淋巴瘤、睾丸癌、乳腺癌、胃癌、结肠直肠癌、肾细胞癌、肝细胞癌、儿科癌和卡波西肉瘤的一种或多种。

[0163] 多肽可以是细胞内表达的病毒蛋白。实例包括HPV16 E6、E7,HIV Tat、Rev、Gag、Pol、Env,HTLV-Tax、Rex、Gag、Env、人疱疹病毒蛋白、登革热病毒蛋白。上述多肽可以是细胞内表达的寄生虫蛋白,例如疟疾蛋白。

[0164] 合适多肽的非限制性实例包括表2至表5中的一个或多个中所列的那些。

[0165]

表2 具有相应登录号的已命名的肿瘤抗原列表。CTA = 粗体和*

	5T4 Q13641.1	A1BG P04217.1	A33 Q99795.1
A4GALT Q9NPC4.1	AACT P01011.1	AAG Q9M6E9.1	ABI1 Q8IZP0.1
ABI2 Q9NYB9.1	ABL1 P00519.1	ABL-BCR Q8WUG5.1	ABLIM3 O94929.1

[0166]

ABLL P42684.1	ABTB1 Q969K4.1	ACACA Q13085.1	ACBD4 Q8NC06.1
ACO1 P21399.1	**ACRBP Q8NEB7.1***	ACTL6A O96019.1	**ACTL8 Q9H568.1***
ACTN4 O43707.1	ACVR1 Q04771.1	ACVR1B P36896.1	ACVR2B Q13705.1
ACVRL1 P37023.1	ACS2B Q68CK6.1	ACSL5 Q9ULC5.1	ADAM-15 Q13444.1
ADAM17 P78536.1	**ADAM2 Q99965.1***	**ADAM29 Q9UKF5.1***	ADAM7 Q9H2U9.1
ADAP1 O75689.1	ADFP Q99541.1	ADGRA3 Q8IWK6.1	ADGRF1 Q5T601.1
ADGRF2 Q8IZF7.1	ADGRL2 O95490.1	ADHFE1 Q8IWW8.1	AEN Q8WTP8.1
AFF1 P51825.1	AFF4 Q9UHB7.1	AFP P02771.1	AGAP2 Q99490.1
AGO1 Q9UL18.1	AGO3 Q9H9G7.1	AGO4 Q9HCK5.1	AGR2 O95994.1
AIFM2 Q9BRQ8.1	AIM2 O14862.1	AKAP-13 Q12802.1	**AKAP-3 O75969.1***
AKAP-4 Q5JQC9.1*	AKIP1 Q9NQ31.1	AKT1 P31749.1	AKT2 P31751.1
AKT3 Q9Y243.1	ALDH1A1 P00352.1	ALK Q9UM73.1	ALKBH1 Q13686.1
ALPK1 Q96QP1.1	AMIGO2 Q86SJ2.1	ANG2 O15123.1	**ANKRD45 Q5TZF3.1***
ANO1 Q5XXA6.1	ANP32A P39687.1	ANXA2 P07355.1	APC P25054.1
APEH P13798.1	APOA2 P02652.1	APOD P05090.1	APOL1 O14791.1
AR P10275.1	ARAF P10398.1	ARF4L P49703.1	ARHGEF5 Q12774.1
ARID3A Q99856.1	ARID4A P29374.1	ARL6IP5 O75915.1	**ARMC3 B4DXS3.1***
ARMC8 Q8IUR7.1	ARTC1 P52961.1	**ARX Q96QS3.1***	ATAD2 Q6PL18.1
ATIC P31939.1	AURKC Q9UQB9.1	AXIN1 O15169.1	AXL P30530.1
BAAT Q14032.1	BAFF Q9Y275.1	**BAGE-1 Q13072.1***	**BAGE-2 Q86Y30.1***
BAGE-3 Q86Y29.1*	**BAGE-4 Q86Y28.1**	**BAGE-5 Q86Y27.1***	BAI1 O14514.1
BAL P19835.1	BALF2 P03227.1	BALF4 P03188.1	BALF5 P03198.1
BARF1 P03228.1	BBRF1 P03213.1	BCAN Q96GW7.1	BCAP31 P51572.1
BCL-2 P10415.1	BCL2L1 Q07817.1	BCL6 P41182.1	BCL9 O00512.1
BCR P11274.1	BCRF1 P03180.1	BDLF3 P03224.1	BGLF4 P13288.1
BHLF1 P03181.1	BHRF1 P03182.1	BILF1 P03208.1	BILF2 P03218.1
BIN1 O00499.1	BING-4 O15213.1	BIRC7 Q96CA5.1	BLLF1 P03200.1
BLLF2 P03199.1	BMI1 P35226.1	BMLF1 Q04360.1	BMPR1B O00238.1
BMRF1 P03191.1	BNLF2a P0C739.1	BNLF2b Q8AZJ3.1	BNRF1 P03179.1
BRAF1 P15056.1	BRD4 O60885.1	**BRDT Q58F21.1***	BRI3BP Q8WY22.1
BRINP1 O60477.1	BRLF1 P03209.1	BTBD2 Q9BX70.1	BUB1B O60566.1
BVRF2 P03234.1	BXLF1 P03177.1	BZLF1 P03206.1	**C15orf60 Q7Z4M0.1***
CA 12-5 Q8WXI7.1	CA 19-9 Q969X2.1	CA195 Q5TG92.1	CA9 Q16790.1
CABYR O75952.1*	CADM4 Q8NFZ8.1	**CAGE1 Q8CT20.1***	CALCA P01258.1
CALR3 Q96L12.1	CAN P35658.1	CASC3 O15234.1	**CASC5 Q8NG31.1***
CASP5 P51878.1	CASP8 Q14790.1	CBFA2T2 O43439.1	CBFA2T3 O75081.1
CBL P22681.1	CBLB Q13191.1	CC3 Q9BUP3.1	**CCDC110 Q8TBZ0.1***
CCDC33 Q8N5R6.1*	**CCDC36 Q8IYA8.1***	CCDC6 Q16204.1	**CCDC62 Q6P9F0.1***
CCDC68 Q9H2F9.1	**CCDC83 Q8IWF9.1***	CCL13 Q99616.1	CCL2 P13500.1
CCL7 P80098.1	**CCNA1 P78396.1***	CCNA2 P20248.1	CCNB1 P14635.1
CCND1 P24385.1	CCNE2 O96020.1	CCNI Q14094.1	CCNL1 Q9UK58.1
CCR2 P41597.1	CD105 P17813.1	CD123 P26951.1	CD13 P15144.1
CD133 O43490.1	CD137 Q07011.1	CD138 P18827.1	CD157 Q10588.1
CD16A P08637.1	CD178 P48023.1	CD19 P15391.1	CD194 P51679.1
CD2 P06729.1	CD20 P11836.1	CD21 P20023.1	CD22 P20273.1
CD229 Q9HBG7.1	CD23 P06734.1	CD27 P26842.1	CD28 P10747.1
CD30 P28908.1	CD317 Q10589.1	CD33 P20138.1	CD350 Q9ULW2.1
CD36 P16671.1	CD37 P11049.1	CD4 P01730.1	CD40 P25942.1
CD40L P29965.1	CD45 P08575.1	CD47 Q08722.1	CD51 P06756.1
CD52 P31358.1	CD55 P08174.1	CD61 P05106.1	CD70 P32970.1
CD74 P08922.1	CD75 P15907.1	CD79B P40259.1	CD80 P33681.1
CD86 P42081.1	CD8a P01732.1	CD8b P10966.1	CD95 P25445.1
CD98 P08195.1	CDC123 O75794.1	CDC2 P06493.1	CDC27 P30260.1
CDC73 Q6P1J9.1	**CDCA1 Q9BZD4.1***	CDCP1 Q9H5V8.1	CDH3 P22223.1
CDK2AP1 O14519.1	CDK4 P11802.1	CDK7 P50613.1	CDKN1A P38936.1
CDKN2A P42771.1	CEA P06731.1	CEACAM1 Q86UE4.1	CENPK Q9BS16.1
CEP162 Q5TB80.1	**CEP290 O15078.1***	**CEP55 Q53EZ4.1 ***	CFL1 P23528.1
CH3L2 Q15782.1	CHEK1 O14757.1	CK2 P19784.1	CLCA2 Q9UQC9.1
CLOCK O15516.1	CLPP Q16740.1	CMC4 P56277.1	CML66 Q96RS6.1
CO-029 P19075.1	COTL1 Q14019.1	COX2 P35354.1	**COX6B2 Q6YFQ2.1***
CPSF1 Q10570.1	**CPXCR1 Q8N123.1***	CREBL2 O60519.1	CREG1 O75629.1
Cripto P13385.1	**CRISP2 P16562.1***	*CRK P46108.1	CRKL P46109.1
CRLF2 Q9HC73.1	CSAGE Q6PB30.1	**CT45 Q5HYN5.1***	**CT45A2 Q5DJT8.1***
CT45A3 Q8NHU0.1*	**CT45A4 Q8N7B7.1***	**CT45A5 Q6NSH3.1***	**CT45A6 P0DMU7.1***
CT46 Q86X24.1*	**CT47 Q5JQC4.1***	**CT47B1 P0C2P7.1***	**CTAGE2 Q96RT6.1***
cTAGE5 O15320.1*	**CTCFL Q8NI51.1***	CTDSP2 O14595.1	CTGF P29279.1
CTLA4 P16410.1	**CTNNA2 P26232.1***	CTNNB1 P35222.1	CTNND1 O60716.1
CTSH P09668.1	**CTSP1 A0RZH4.1***	CTTN Q14247.1	CXCR4 P61073.1
CXorf48 Q8WUE5.1*	**CXorf61 Q5H943.1***	Cyclin-E P24864.1	CYP1B1 Q16678.1
CypB P23284.1	CYR61 O00622.1	CS1 P28290.1	**CSAG1 Q6PB30.1***
CSDE1 O75534.1	CSF1 P09603.1	CSF1R P07333.1	CSF3R Q99062.1
CSK P41240.1	CSK23 Q8NEV1.1	DAPK3 O43293.1	DAZ1 Q9NQZ3.1
DBPC Q9Y2T7.1	**DCAF12 Q5T6F0.1***	DCT P40126.1	DCUN1D1 Q96GG9.1
DCUN1D3 Q8IWE4.1	DDR1 Q08345.1	DDX3X O00571.1	DDX6 P26196.1
DEDD O75618.1	DEK P35659.1	DENR O43583.1	DEPDC1 Q5TB30.1
DFNA5 O60443.1	DGAT2 Q96PD7.1	DHFR P00374.1	DKK1 O94907.1

[0167]

DKK3 Q9UBP4.1	**DKKL1 Q9UK85.1***	DLEU1 O43261.1	DMBT1 Q9UGM3.1
DMRT1 Q9Y5R6.1*	**DNAJB8 Q8NHS0.1***	DNAJC8 O75937.1	DNMT3A Q9Y6K1.1
DPPA2 Q7Z7J5.1*	DR4 O00220.1	DR5 O14763.1	**DRG1 Q9Y295.1***
DSCR8 Q96T75.1	E2F3 O00716.1	E2F6 O75461.1	E2F8 A0AVK6.1
EBNA1 P03211.1	EBNA2 P12978.1	EBNA3 P12977.1	EBNA4 P03203.1
EBNA6 P03204.1	EBNA-LP Q8AZK7.1	E-cadherin P12830.1	ECT2 Q9H8V3.1
ECTL2 Q008S8.1	**EDAG Q9BXL5.1***	EEF2 P13639.1	EFNA1 P20827.1
EFS O43281.1	EFTUD2 Q15029.1	EGFL7 Q9UHF1.1	EGFR p00533.1
EI24 O14681.1	EIF4EBP1 Q13541.1	ELF3 P78545.1	ELF4 Q99607.1
ELOVL4 Q9GZR5.1*	EMP1 P54849.1	ENAH Q8N8S7.1	Endosialin Q9HCU0.1
ENO1 P06733.1	ENO2 P09104.1	ENO3 P13929.1	ENTPD5 O75356.1
EpCAM P16422.1	EPHA2 P29317.1	EPHA3 P29320.1	EPHB2 P29323.1
EPHB4 P54760.1	EPHB6 O15197.1	EPS8 Q12929.1	ERBB3 P21860.1
ERBB4 Q15303.1	EREG O14944.1	ERG P11308.1	ERVK-18 O42043.1
ERVK-19 O71037.1	ESR1 P03372.1	ETAA1 Q9NY74.1	ETS1 P14921.1
ETS2 P15036.1	ETV1 P50549.1	ETV5 P41161.1	ETV6 P41212.1
EVI5 O60447.1	EWSR1 Q01844.1	EYA2 O00167.1	EZH2 Q15910.1
FABP7 O15540.1	**FAM133A Q8N9E0.1***	FAM13A O94988.1	**FAM46D Q8NEK8.1***
FAM58BP P0C7Q3.1	FANCG O15287.1	**FATE1 Q969F0.1***	**FBXO39 Q8N4B4.1***
FBXW11 Q9UKB1.1	FCHSD2 O94868.1	FER P16591.1	FES P07332.1
FEV Q99581.1	FGF10 O15520.1	FGF23 Q9GZV9.1	FGF3 P11487.1
FGF4 P08620.1	FGF5 P12034.1	FGFR1 P11362.1	FGFR2 P21802.1
FGFR3 P22607.1	FGFR4 P22455.1	FGR P09769.1	FLI1 Q01543.1
FLT3 P36888.1	FMNL1 O95466.1	FMOD Q06828.1	**FMR1NB Q8N0W7.1***
FN1 P02751.1	Fn14 Q9NP84.1	FNIP2 Q9P278.1	FOLR1 P15328.1
FOS P01100.1	FosB P53539.1	FOSL1 P15407.1	FOXM1 Q08050.1
FOXO1 Q12778.1	FOXO3 O43524.1	FRAT1 Q92837.1	FRMD3 A2A2Y4.1
FSIP1 Q8NA03.1	FSIP2 Q5CZC0.1	FSTL3 O95633.1	**FTHL17 Q9BXU8.1***
FUNDC2 Q9BWH2.1	FUS P35637.1	FUT1 P19526.1	FUT3 P21217.1
FYN P06241.1	GAB2 Q9UQC2.1	GADD45G O95257.1	**GAGE-1 Q13065.1**
GAGE12B/C/D/E A1L429.1	**GAGE12F P0CL80.1**	**GAGE12G P0CL81.1**	**GAGE12H A6NDE8.1**
GAGE12I P0CL82.1	**GAGE12J A6NER3.1**	**GAGE-2 Q6NT46.1**	**GAGE-3 Q13067.1**
GAGE-4 Q13068.1	**GAGE-5 Q13069.1**	**GAGE-6 Q13070.1**	**GAGE-7 O76087.1**
GAGE-8 Q9UEU5.1	GALGT2 Q00973.1	GAS7 O60861.1	GASZ Q8WWH4.1
GATA-3 P23771.1	GBU4-5 Q587J7.1	GCDFP-15 P12273.1	GFAP P14136.1
GFI1 Q99684.1	Ghrelin Q9UBU3.1	GHSR Q92847.1	GIPC1 O14908.1
GITR Q9Y5U5.1	GKAP1 Q5VSY0.1	GLI1 P08151.1	Glypican-3 P51654.1
GML Q99445.1	GNA11 P29992.1	GNAQ P50148.1	GNB2L1 P63244.1
GOLGA5 Q8TBA6.1	gp100 P40967.1	gp75 P17643.1	Gp96 P14625.1
GPAT2 Q6NUI2.1*	**GPATCH2 Q9NW75.1***	GPC-3 P51654.1	GPNMB Q14956.1
GPR143 P51810.1	GPR89A B7ZAQ6.1	GRB2 P62993.1	GRP78 P11021.1
GUCY1A3 Q02108.1	H3F3A P84243.1	**HAGE Q9NXZ2.1***	hANP P01160.1
HBEGF Q99075.1	hCG-beta P01233.1	HDAC1 Q13547.1	HDAC2 Q92769.1
HDAC3 O15379.1	HDAC4 P56524.1	HDAC5 Q9UQL6.1	HDAC6 Q9UBN7.1
HDAC7 Q8WUI4.1	HDAC8 Q9BY41.1	HDAC9 Q9UKV0.1	HEATR1 Q9H583.1
Hepsin P05981.1	Her2 / neu P04626.1	HERC2 O95714.1	HERV-K104 P61576.1
HEXB P07686.1	HEXIM1 O94992.1	HGRG8 Q9Y5A9.1	HIPK2 Q9H2X6.1
HJURP Q8NCD3.1	HMGB1 P09429.1	HMOX1 P09601.1	HNRPL P14866.1
HOM-TES-85 Q9P127.1 *	**HORMAD1 Q86X24.1***	**HORMAD2 Q8N7B1.1***	HPSE Q9Y251.1
HPV16 E6 P03126.1	HPV16 E7 P03129.1	HPV18 E6 P06463.1	HPV18 E7 P06788.1
HRAS P01112.1	HSD17B13 Q7Z5P4.1	HSP105 Q92598.1	HSP60 P10809.1
HSPA1A P08107.1	**HSPB9 Q9BQS6.1***	HST-2 P10767.1	HT001 Q2TB18.1
hTERT O14746.1	HUS1 O60921.1	ICAM-1 P05362.1	IDH1 O75874.1
IDO1 P14902.1	IER3 P46695.1	IGF1R P08069.1	**IGFS11 Q5DX21.1***
IL13RA2 Q14627.1*	**IMP-3 Q9NV31.1***	ING3 Q9NXR8.1	INPPL1 O15357.1
INTS6 Q9UL03.1	IRF4 Q15306.1	IRS4 O14654.1	ITGA5 P08648.1
ITGB8 P26012.1	ITPA Q9BY32.1	ITPR2 Q14571.1	JAK2 O60674.1
JAK3 P52333.1	**JARID1B Q9UGL1.1***	JAZF1 Q86VZ6.1	JNK1 P45983.1
JNK2 P45984.1	JNK3 P53779.1	JTB O76095.1	JUN P05412.1
JUP P14923.1	K19 P08727.1	KAAG1 Q9UBP8.1	Kallikrein 14 Q9P0G3.1
Kallikrein 4 Q9Y5K2.1	KAT6A Q92794.1	KDM1A O60341.1	KDM5A P29375.1
KIAA0100 Q14667.1*	KIAA0336 Q8IWJ2.1	KIAA1199 Q8WUJ3.1	KIAA1641 A6QL64.1
KIF11 P52732.1	KIF1B O60333.1	KIF20A O95235.1	KIT P10721.1
KLF4 O43474.1	KLHL41 O60662.1	KLK10 O43240.1	KMT2D O14686.1
KOC1 O00425.1	K-ras P01116.1	KRIT1 O00522.1	KW-12 P62913.1
KW-2 Q96RS0.1	KW-5 (SEBD4) Q9H0Z9.1	KW-7 O75475.1	L1CAM P32004.1
L53 Q96EL3.1	L6 Q9BTT4.1	LAG3 P18627.1	**Lage-1 O75638.1***
LATS1 O95835.1	LATS2 Q9NRM7.1	LCMT2 O60294.1	LCP1 P13796.1
LDHC P07864.1*	LDLR P01130.1	**LEMD1 Q68G75.1***	Lengsin Q5TDP6.1
LETMD1 Q6P1Q0.1	LGALS3BP Q08380.1	LGALS8 O00214.1	LIN7A O14910.1
LIPI Q6XZB0.1*	LIV-1 Q13433.1	LLGL1 Q15334.1	LMO1 P25800.1
LMO2 P25791.1	LMP1 P03230.1	LMP2 P13285.1	**LOC647107 Q8TAI5.1***
LOXL2 Q9Y4K0.1	LRP1 Q07954.1	LRRN2 O75325.1	LTF P02788.1
LTK P29376.1	LZTS1 Q9Y250.1	**LY6K Q17RY6.1***	LYN P07948.1
LYPD6B Q8NI32.1*	MAEA Q7L5Y9.1	**MAEL Q96JY0.1***	MAF O75444.1
MAFF Q9ULX9.1	MAFG O15525.1	MAFK O60675.1	**MAGE-A1 P43355.1***

[0168]

MAGE-A10 P43363.1*	**MAGE-A11 P43364.1***	**MAGE-A12 P43365.1***	**MAGE-A2 P43356.1***
MAGE-A2B Q6P448.1*	**MAGE-A3 P43357.1***	**MAGE-A4 P43358.1***	**MAGE-A5 P43359.1***
MAGE-A6 P43360.1*	**MAGE-A8 P43361.1***	**MAGE-A9 P43362.1***	**MAGE-B1 P43366.1***
MAGE-B2 O15479.1*	**MAGE-B3 O15480.1***	**MAGE-B4 O15481.1***	**MAGE-B5 Q9BZ81.1***
MAGE-B6 Q8N7X4.1*	**MAGE-C1 O60732.1***	**MAGE-C2 Q9UBF1.1***	**MAGE-C3 Q8TD91.1***
mammaglobin-A Q13296.1	MANF P55145.1	MAP2K2 P36507.1	MAP2K7 O14733.1
MAP3K7 O43318.1	MAP4K5 Q9Y4K4.1	MART1 Q16655.1	MART-2 Q5VTY9.1
MAS1 P04201.1	MC1R Q01726.1	**MCAK Q99661.1***	MCF2 P10911.1
MCF2L O15068.1	MCL1 Q07820.1	MCTS1 Q9ULC4.1	MCSP Q6UVK1.1
MDK P21741.1	MDM2 Q00987.1	MDM4 O15151.1	ME1 P48163.1
ME491 P08962.1	MECOM Q03112.1	MELK Q14680.1	MEN1 O00255.1
MERTK Q12866.1	MET P08581.1	MFGE8 Q08431.1	MFHAS1 Q9Y4C4.1
MFI2 P08582.1	MGAT5 Q09328.1	Midkine P21741.1	MIF P14174.1
MKI67 P46013.1	MLH1 P40692.1	MLL Q03164.1	MLLT1 Q03111.1
MLLT10 P55197.1	MLLT11 Q13015.1	MLLT3 P42568.1	MLLT4 P55196.1
MLLT6 P55198.1	MMP14 P50281.1	MMP2 P08253.1	MMP7 P09237.1
MMP9 P14780.1	MOB3B Q86TA1.1	**MORC1 Q86VD1.1***	**MPHOSPH1 Q96Q89.1***
MPL P40238.1	MRAS O14807.1	MRP1 P33527.1	MRP3 O15438.1
MRPL28 Q13084.1	MRPL30 Q8TCC3.1	MRPS11 P82912.1	MSLN Q13421.1
MTA1 Q13330.1	MTA2 O94776.1	MTA3 Q9BTC8.1	MTCP1 P56278.1
MTSS1 O43312.1	MUC-1 P15941.1	MUC-2 Q02817.1	MUC-3 Q02505.1
MUC-4 Q99102.1	MUC-5AC P98088.1	MUC-6 Q6W4X9.1	MUM1 Q2TAK8.1
MUM2 Q9Y5R8.1	MYB P10242.1	MYC P01106.1	MYCL P12524.1
MYCLP1 P12525.1	MYCN P04198.1	MYD88 Q99836.1	MYEOV Q96EZ4.1
MYO1B O43795.1	**NA88-A P0C5K6.1***	NAE1 Q13564.1	Napsin-A O96009.1
NAT6 Q93015.1	NBAS A2RRP1.1	NBPF12 Q5TAG4.1	NCOA4 Q13772.1
NDC80 O14777.1	NDUFC2 O95298.1	Nectin-4 Q96NY8.1	NEK2 P51955.1
NEMF O60524.1	NENF Q9UMX5.1	NEURL1 O76050.1	NFIB O00712.1
NFKB2 Q00653.1	NF-X1 Q12986.1	NFYC Q13952.1	NGAL P80188.1
NGEP Q6IWH7.1	NKG2D-L1 Q9BZM6.1	NKG2D-L2 Q9BZM5.1	NKG2D-L3 Q9BZM4.1
NKG2D-L4 Q8TD07.1	NKX3.1 Q99801.1	NLGN4X Q8N0W4.1	**NLRP4 Q96MN2.1***
NNMT P40261.1	**NOL4 O94818.1***	NOTCH2 Q04721.1	NOTCH3 Q9UM47.1
NOTCH4 Q99466.1	NOV P48745.1	NPM1 P06748.1	**NR6A1 Q15406.1***
N-RAS P01111.1	NRCAM Q92823.1	NRP1 O14786.1	NSE1 Q96KN4.1
NSE2 Q96KN1.1	NTRK1 P04629.1	NUAK1 O60285.1	NUGGC Q68CJ6.1
NXF2 Q9GZY0.1*	**NXF2B Q5JRM6.1***	NY-BR-1 Q9BXX3.1	NYD-TSPG Q9BWV7.1
NY-ESO-1 P78358.1*	NY-MEL-1 P57729.1	OCA2 Q04671.1	**ODF1 Q14990.1***
ODF2 Q5BJF6.1*	**ODF3 Q96PU9.1***	**ODF4 Q2M2E3.1***	OGG1 O15527.1
OGT O15294.1	**OIP5 O43488.1***	OS9 Q13438.1	**OTOA Q05BM7.1***
OX40 P43489.1	OX40L P23510.1	P53 P04637.1	P56-LCK P06239.1
PA2G4 Q9UQ80.1	**PAGE1 O75459.1***	**PAGE2 Q7Z2X2.1***	**PAGE2B Q5JRK9.1***
PAGE3 Q5JUK9.1*	**PAGE4 O60829.1***	**PAGE5 Q96GU1.1***	PAK2 Q13177.1
PANO1 I0J062.1	PAP Q06141.1	PAPOLG Q9BWT3.1	PARK2 O60260.1
PARK7 Q99497.1	PARP12 Q9H0J9.1	**PASD1 Q8IV76.1***	PAX3 P23760.1
PAX5 Q02548.1	PBF P00751.1	**PBK Q96KB5.1***	PBX1 P40424.1
PCDC1 Q15116.1	PCM1 Q15154.1	PCNXL2 A6NKB5.1	PDGFB P01127.1
PDGFRA P16234.1	**PEPP2 Q9HAU0.1***	PGF P49763.1	PGK1 P00558.1
PHLDA3 Q9Y5J5.1	PHLPP1 O60346.1	PIAS1 O75925.1	PIAS2 O75928.1
PIK3CA P42336.1	PIK3CD O00329.1	PIK3R2 O00459.1	PIM1 P11309.1
PIM2 Q9P1W9.1	PIM3 Q86V86.1	PIR O00625.1	**PIWIL1 Q96J94.1***
PIWIL2 Q8TC59.1*	PIWIL3 Q7Z3Z3.1	PIWIL4 Q7Z3Z4.1	PKN3 Q6P5Z2.1
PLA2G16 P53816.1	**PLAC1 Q9HBJ0.1***	PLAG1 Q6DJT9.1	PLEKHG5 O94827.1
PLK3 Q9H4B4.1	PLS3 P13797.1	PLVAP Q9BX97.1	PLXNB1 O43157.1
PLXNB2 O15031.1	PML P29590.1	PML-RARA Q96QH2.1	**POTEA Q6S8J7.1***
POTEB Q6S5H4.1*	**POTEC B2RU33.1***	**POTED Q86YR6.1***	**POTEE Q6S8J3.1***
POTEG Q6S5H5.1*	**POTEH Q6S545.1***	PP2A P63151.1	PPAPDC1B Q8NEB5.1
PPFIA1 Q13136.1	PPIG Q13427.1	PPP2R1B P30154.1	**PRAME P78395.1***
PRDX5 P30044.1	PRKAA1 Q13131.1	PRKCI P41743.1	**PRM1 P04553.1***
PRM2 P04554.1*	PRMT3 O60678.1	PRMT6 Q96LA8.1	PDL1 Q9NZQ7.1
PROM1 O43490.1	**PRSS54 Q6PEW0.1***	**PRSS55 Q6UWB4.1***	PRTN3 P24158.1
PRUNE Q86TP1.1	PRUNE2 Q8WUY3.1	PSA P07288.1	PSCA D3DWI6.1
PSMA Q04609.1	PSMD10 O75832.1	PSGR Q9H255.1	PSP-94 Q1L6U9.1
PTEN P60484.1	PTH-rP P12272.1	PTK6 Q13882.1	**PTPN20A Q4JDL3.1***
PTPRK Q15262.1	PTPRZ P23471.1	PTTG-1 O95997.1	PTTG2 Q9NZH5.1
PTTG3 Q9NZH4.1	PXDNL A1KZ92.1	RAB11FIP3 O75154.1	RAB8A P61006.1
RAD1 O60671.1	RAD17 O75943.1	RAD51C O43502.1	RAF1 P04049.1
RAGE-1 Q9UQ07.1	RAP1A P62834.1	RARA P10276.1	RASSF10 A6NK89.1
RB1 P06400.1	RBL2 Q08999.1	**RBM46 Q8TBY0.1***	RBP4 P02753.1
RCAS1 O00559.1	RCVRN P35243.1	RECQL4 O94761.1	RET P07949.1
RGS22 Q8NE09.1*	RGS5 O15539.1	RHAMM O75330.1	RhoC P08134.1
RHOXF2 Q9BQY4.1	RL31 P62888.1	RNASET2 O00584.1	RNF43 Q68DV7.1
RNF8 O76064.1	RON Q04912.1	**ROPN1A Q9HAT0.1***	ROR1 Q01973.1
RPA1 O95602.1	RPL10A P62906.1	RPL7A P62424.1	RPS2 P15880.1
RPS6KA5 O75582.1	RPSA P08865.1	**RQCD1 Q92600.1***	RRAS2 P62070.1
RSL1D1 O76021.1	RTKN Q9BST9.1	RUNX1 Q01196.1	RUNX2 Q13950.1
RYK P34925.1	**SAGE1 Q9NXZ1.1***	SART2 Q9UL01.1	SART3 Q15020.1

SASH1 O94885.1	sCLU P10909.1	SCRN1 Q12765.1	SDCBP O00560.1
SDF-1 P48061.1	SDHD O14521.1	SEC31A O94979.1	SEC63 Q9UGP8.1
Semaphorin 4DQ92854.1	**SEMG1 P04279.1***	SFN P31947.1	SH2B2 O14492.1
SH2D1B O14796.1	SH3BP1 Q9Y3L3.1	SHB Q15464.1	SHC3 Q92529.1
SIRT2 Q8IXJ6.1	SIVA1 O15304.1	SKI P12755.1	SLBP A9UHW6.1
SLC22A10 Q63ZE4.1	SLC25A47 Q6Q0C1.1	SLC35A4 Q96G79.1	SLC45A3 Q96JT2.1
SLC4A1AP Q9BWU0.1	**SLCO6A1 Q86UG4.1***	SLITRK6 Q9H5Y7.1	Sm23 P27701.1
SMAD5 Q99717.1	SMAD6 O43541.1	SMO Q99835.1	Smt3B P61956.1
SNRPD1 P62314.1	SOS1 Q07889.1	SOX-2 P48431.1	SOX-6 P35712.1
SOX-11 P35716 .1	**SPA17 Q15506.1***	**SPACA3 Q8IXA5.1***	**SPAG1 Q07617.1***
SPAG17 Q6Q759.1*	**SPAG4 Q9NPE6.1***	**SPAG6 O75602.1***	**SPAG8 Q99932.1***
SPAG9 O60271.1*	**SPANXA1 Q9NS26.1***	**SPANXB Q9NS25.1***	**SPANXC Q9NY87.1***
SPANXD Q9BXN6.1*	**SPANXE Q8TAD1.1***	**SPANXN1 Q5VSR9.1***	**SPANXN2 Q5MJ10.1***
SPANXN3 Q5MJ09.1*	**SPANXN4 Q5MJ08.1***	**SPANXN5 Q5MJ07.1***	**SPATA19 Q7Z5L4.1***
SPEF2 Q9C093.1*	SPI1 P17947.1	**SPINLW1 O95925.1***	**SPO11 Q9Y5K1.1***
SRC P12931.1	SSPN Q14714.1	**SSX-1 Q16384.1***	**SSX-2 Q16385.1***
SSX-3 Q99909.1*	**SSX-4 O60224.1***	**SSX-5 O60225.1***	**SSX-6 Q7RTT6.1***
SSX-7 Q7RTT5.1*	**SSX-9 Q7RTT3.1***	ST18 O60284.1	STAT1 P42224.1
STEAP1 Q9UHE8.1	STK11 Q15831.1	STK25 O00506.1	STK3 Q13188.1
STN Q9H668.1	SUPT7L O94864.1	Survivin O15392.1	SUV39H1 O43463.1
SYCE1 Q8N0S2.1	**SYCP1 Q15431.1**	SYCP3 Q8IZU3.1	SYT Q15532.1
TA-4 Q96RI8.1	TACC1 O75410.1	TAF1B Q53T94.1	TAF4 O00268.1
TAF7L Q5H9L4.1*	**TAG-1 Q02246.1***	TAL1 P17542.1	TAL2 Q16559.1
TAPBP O15533.1	TATI P00995.1	TAX1BP3 O14907.1	TBC1D3 Q8IZP1.1
TBP-1 P17980.1	TCL1A P56279.1	TCL1B O95988.1	TDHP Q9BT92.1
TDRD1 Q9BXT4.1*	**TDRD4 Q9BXT8.1***	**TDRD6 O60522.1***	**TEKT5 Q96M29.1***
TEX101 Q9BY14.1*	**TEX14 Q8IWB6.1***	**TEX15 Q9BXT5.1***	**TEX38 Q6PEX7.1***
TF P02787.1	**TFDP3 Q5H9I0.1***	TFE3 P19532.1	TGFBR1 P36897.1
TGFBR2 P37173.1	**THEG Q9P2T0.1***	TIE2 Q02763.1	TIPRL O75663.1
TLR2 O60603.1	**TMEFF1 Q8IYR6.1***	**TMEFF2 Q9UIK5.1***	**TMEM108 Q6UXF1.1***
TMEM127 O75204.1	**TMPRSS12 Q86WS5.1***	TNC P24821.1	TNFRSF17 Q02223.1
TNFSF15 O95150.1	TNK2 Q07912.1	TOMM34 Q15785.1	TOP2A P11388.1
TOP2B Q02880.1	TOR3A Q9H497.1	TP73 O15350.1	TPA1 8N543.1
TPGS2 Q68CL5.1	TPI1 P60174.1	TPL2 P41279.1	TPM4 P67936.1
TPO P40225.1	**TPPP2 P59282.1***	TPR P12270.1	**TPTE P56180.1***
TRAF5 O00463.1	**TRAG-3 Q9Y5P2.1***	TRGC2 P03986.1	TRIM24 O15164.1
TRIM37 O94972.1	TRIM68 Q6AZZ1.1	TRPM8 Q7Z2W7.1	**TSGA10 Q9BZW7.1***
TSP50 Q9UI38.1*	TSPAN6 O43657.1	**TSPY1 Q01534.1***	**TSPY2 A6NKD2.1***
TSPY3 Q6B019.1*	TSPYL1 Q9H0U9.1	**TSSK6 Q9BXA6.1***	TTC23 Q5W5X9.1
TTK P33981.1*	**TULP2 O00295.1***	TUSC2 O75896.1	TWEAK O43508.1
TXNIP Q9H3M7.1	TYMS P04818.1	TYR P14679.1	U2 snRNP B P08579.1
U2AF1 Q01081.1	UBD O15205.1	UBE2A P49459.1	UBE2C O00762.1
UBE2V1 Q13404.1	UBE4B O95155.1	UBR5 O95071.1	UBXD5 Q5T124.1
UFL1 O94874.1	URI1 O94763.1	URLC10 Q17RY6.1	UROC1 Q96N76.1
USP2 O75604.1	USP4 Q13107.1	VAV1 P15498.1	VCX3A Q9NNX9.1
VEGFR1 P17948.1	VEGFR2 P35968.1	VHL P40337.1	VIM P08670.1
VWA5A O00534.1	WHSC2 Q9H3P2.1	WISP1 O95388.1	WNK2 Q9Y3S1.1
WNT10B O00744.1	WNT3 P56703.1	WNT-5a P41221.1	WT1 P19544.1
WWP1 Q9H0M0.1	**XAGE-1 Q9HD64.1***	**XAGE-2 Q96GT9.1***	**XAGE-3 Q8WTP9.1***
XAGE-4 Q8WWM0.1	**XAGE-5 Q8WWM1.1***	XBP1 P17861.1	XPO1 O14980.1
XRCC3 O43542.1	YB-1 P67809.1	YEATS4 O95619.1	YES1 P07947.1
YKL-40 P36222.1	ZBTB7A O95365.1	ZBTB7C A1YPR0.1	ZEB1 P37275.1
ZFYVE19 Q96K21.1	**ZNF165 P49910.1***	ZNF185 O15231.1	ZNF217 O75362.1
ZNF320 A2RRD8.1	ZNF395 Q9H8N7.1	**ZNF645 Q8N7E2.1***	ZUBR1 Q5T4S7.1
ZW10 O43264.1	ZWINT O95229.1	Ropporin-1A Q9HAT0	WBP2NL Q6ICG8.1

[0169]

[0170] 表2任选地排除Ropporin-1A Q9HAT0和/或WBP2NL Q6ICG8.1。

表3 IEDB病毒抗原的登录号列表

	Q76R62.1	P03182.1	P09258.1	P09310.1	P03227.1	P89466.1	P04601.1
P13285.1	P09991.1	P03468.1	A2T3Q0.1	P0C6X7.1	P89448.1	P12978.1	P09257.1
P50641.1	P14075.1	20178567.1	Q01023.1	P03188.1	P04585.1	P0C767.1	P12977.1
P89467.1	Q9W850.1	Q00683.1	P04591.1	P03211.1	9628706.1	P03460.1	P08666.1
P03485.1	Q04360.1	Q913Y7.1	P89449.1	Q81871.1	P03452.1	P17763.1	P89430.1
P03410.1	P04012.1	P27958.1	Q6WB99.1	P25212.1	Q9PZT1.1	P68593.1	P03203.1
P29996.1	9629374.1	P59633.1	O42053.1	P0C6L3.1	P59635.1	Q9YZN9.1	Q6WB95.1
P10233.1	P89475.1	Q6WB98.1	Q6SW67.1	Q7TFA0.1	P0CK17.1	P59594.1	1980491.1
P14079.1	P15423.1	1891762.1	P09259.1	P09269.1	Q77Q38.1	Q786F2.1	Q6SW99.1
P24771.1	F5HB98.1	9629370.1	P68336.1	P03300.1	1980486.1	Q69027.1	P28284.1
P13290.1	9626585.1	P06923.1	P14076.1	P03346.1	O42062.1	P07566.1	P03204.1
Q69091.1	P09255.1	P03206.1	O36634.1	P10205.1	F5HCM1.1	P0CK16.1	Q6WB97.1
Q85601.1	P89468.1	Q69467.1	P03218.1	Q786F3.1	P59637.1	1891763.1	Q6WB94.1
P03231.1	Q9IK92.1	Q6WBA1.1	P03466.1	P14335.1	P26670.1	Q9PZT0.1	1985356.1
Q2HR63.1	P59634.1	Q6SW59.1	P03277.1	P59595.1	Q69028.1	P03383.1	P03261.1
P03200.1	P04578.1	P06484.1	F5HC97.1	S5TC82.1	P18095.1	Q96895.1	P18094.1
9629372.1	P50791.1	P03230.1	P13845.1	9629712.1	P03209.1	P03129.1	Q76R61.1

[0171]

[0172]

P03228.1	P0C206.1	Q9WMB5.1	P03226.1	Q9QR69.1	O36633.1	O42049.1	P03496.1
P03428.1	P03431.1	P0C0U1.1	P03433.1	P03508.1	1980456.1	P0C739.1	P69726.1
P69723.1	1980490.1	532129755.1	P03120.1	P04020.1	P06922.1	P03114.1	P03314.1
P06790.1	P06788.1	P06927.1	P03101.1	P03107.1	P06794.1	530787712.1	P04013.1
Q80872.1	P04014.1	P03126.1	P36811.1	P06463.1	P26554.1	P04016.1	P14078.1
P03191.1	1980471.1	P06821.1	P0C797.1	F5HF49.1	P0C045.1	P04296.1	P04485.1
P10230.1	P10221.1	P06487.1	P10215.1	P04293.1	P10211.1	P10209.1	P10225.1
P10224.1	P10238.1	P10185.1	P08392.1	P10231.1	P06492.1	P04290.1	P08393.1
P08543.1	P10210.1	P08617.1	F5HB53.1	P04019.1	P04015.1	P89442.1	P89452.1
P89462.1	P59632.1	O36635.1	P07210.1	Q83884.1	Q8JUX5.1	P03089.1	Q66479.1
P03185.1	P0CAP6.1	P04618.1	56160929.1	1980519.1	P08669.1	P14348.1	P03212.1
P03179.1	45617-other.1	1511872.1	302317869.1	P69899.1	P09247.1	Q05127.1	P18272.1
Q9YMG2.1	Q05128.1	302371215.1	302371218.1	Q5XX08.1	302371214.1	P14336.1	138948-other.1
P08292.1	1803956.1	P35253.1	1891726.1	P09308.1	P03189.1	667489389.1	P09272.1
34365530.1	Q05320.1	P59596.1	P32886.1	55097.1	P03316.1	P03276.1	Q81870.1
Q81862.1	64320.1	1933190.1					

表4 IEDB细菌抗原的登录号列表

[0173]

	B8ZUD1.1	P09621.1	P9WPE5.1	Q2GI62.1	P0A5B8.1	O50443.1	Q5NEZ3.1
P9WQF5.1	P9WK95.1	O05311.1	P9WQD7.1	P9WKG3.1	P9WHE5.1	P0CD83.1	P9WHB9.1
P9WH91.1	P9WHE3.1	P9WNK7.1	A0A0F3MKF3.1	A1JIP3.1	B2RKS6.1	P0A1D3.1	P0A6F5.1
P0C0Z7.1	P0C923.1	P61439.1	Q9Z708.1	P0A521.1	P9WPE7.1	Q79FJ2.1	B8ZR84.1
I6Y3P5.1	Q2FYP2.1	P9WG41.1	P96890.1	O06625.1	I6X654.1	Q8YIE1.1	P9WQ81.1
I6XWA1.1	P11311.1	O53900.1	P9WIR7.1	P9WQB1.1	B8ZUC6.1	O06802.1	P9WMK1.1
P9WG37.1	Q2FWC4.1	Q2GGE3.1	O33347.1	P9WJ09.1	P9WJ11.1	P9WF23.1	O69703.1
I6X4K0.1	B2RM93.1	P71888.1	P9WFW3.1	P9WPV1.1	P9WPU7.1	P9WPV3.1	P9WPU5.1
O50391.1	P9WID7.1	P9WPC3.1	P96901.1	O84848.1	Q2FUX4.1	A0A0M1YNY3.1	P49944.1
P9WPQ9.1	Q45010.1	Q2FZK7.1	P9WMN3.1	P9WPQ1.1	Q45013.1	O53666.1	Q5NEH1.1
P9WHR5.1	P9WIE5.1	Q5NEQ3.1	P9WNF3.1	F2QBN0.1	B8ZTB7.1	P0C922.1	P9WMJ9.1
Q5NGW2.1	P01556.1	Q8DMZ4.1	P33768.1	Q2FUY2.1	Q5NG56.1	X8CE55.1	Q5NGE4.1
P94973.1	O06827.1	P96872.1	I6X9Y7.1	I6XFZ8.1	O50442.1	O53697.1	O53978.1
P95137.1	P95144.1	O53519.1	Q79FZ8.1	P9WJF5.1	P71629.1	P9WJS3.1	P9WPB7.1
Q7D9T1.1	P9WHS1.1	O06393.1	P9WP69.1	P9WPN5.1	P9WNX3.1	O53380.1	I6YAU3.1
P0A4V2.1	P9WQP3.1	P0C2T2.1	P9WQP1.1	P9WQN9.1	O53311.1	P9WIS7.1	O06159.1
H2GU79.1	Q2G2Q0.1	P9WNV1.1	P9WNV5.1	Q8YE98.1	Q59191.1	P9WGY7.1	P9WGY9.1
Q2G2W1.1	P9WGH1.1	P9WNG9.1	P9WNG7.1	O84591.1	Q9Z7A6.1	P9WGR1.1	P96404.1
I6YGS0.1	Q6MX18.1	P9WNK5.1	O53692.1	P9WNK3.1	P9WNK1.1	P9WNJ9.1	P9WNJ7.1
P9WNJ5.1	P9WNJ3.1	P9WNJ1.1	P9WNI9.1	P96903.1	P9WNB1.1	P9WJE1.1	P9WJD9.1
P9WJD7.1	P9WJD3.1	P9WJC5.1	P9WJC3.1	P9WJC1.1	P9WNQ3.1	P9WJE5.1	P9WJC7.1
O84646.1	I6YDV4.1	P11439.1	Q5NFJ1.1	P9WNE5.1	P14738.1	P11089.1	H7C7G3.1
L7N6B9.1	I6XFI7.1	O05578.1	P96218.1	P9WN39.1	P9WN59.1	Q8YBI3.1	P9WN83.1
P9WJA9.1	P9WMY9.1	Q5NH51.1	O53673.1	P9WIP9.1	P0CE15.1	P72041.1	Q5NEM8.1
Q5NI16.1	P9WJA3.1	P0A4Q1.1	P9WIP1.1	P9WIN9.1	P9WNF5.1	O50846.1	Q59947.1
H7C7N8.1	Q5NEC6.1	O84606.1	P9WQJ9.1	P9WQJ7.1	P9WQ71.1	O53611.1	P9WKL1.1
P9WKJ7.1	D5V9Y8.1	P0CC04.1	P23700.1	P9WJN5.1	Q5NHJ0.1	Q5NEY9.1	P15917.1
Q2G155.1	O34094.1	Q8F8E1.1	O69661.1	H6MMU4.1	P9WK61.1	P9WK55.1	Q8YGS9.1
O50811.1	P9WQ59.1	P9WIN7.1	P9WIR1.1	O50430.1	D5VCH6.1	Q5NHI7.1	P9WFU9.1
I6XFY8.1	B2RH54.1	Q46409.1	P30690.1	A0A0J5IWN3.1	A0PSI5.1	A4TAC4.1	B1MB69.1
B2HSY2.1	B8ZSN3.1	E4WHS0.1	P9WK17.1	V5XE39.1	I6X7G8.1	I6Y461.1	I6YGB1.1
I6YC99.1	Q79FY7.1	I6X5Z8.1	I6Y479.1	I6YA32.1	O05461.1	Q2G1E2.1	P9WK19.1
I6YAW3.1	Q5NGG4.1	O51624.1	P9WJW5.1	Q50584.1	B2RHG1.1	Q5NFL7.1	P9WQN7.1
P9WHH3.1	O84639.1	Q5NF24.1	P9WJH1.1	P9WJH5.1	O53203.1	P55969.1	O50418.1
Q5NGE0.1	H7C7K8.1	O54584.1	G1UB30.1	Q5NH85.1	G1UB25.1	P0A3N8.1	E1X6Y5.1
Q5NEP7.1	Q8YHH0.1	P38006.1	P43838.1	P43839.1	P0CL67.1	P0CL66.1	Q0SLZ0.1
Q07337.1	G5IXI6.1	O07721.1	O53254.1	P75330.1	I6Y936.1	L7N649.1	L7N656.1
L7N693.1	Q79FK4.1	Q79FR3.1	Q79FR5.1	Q79G04.1	Q79FS8.1	Q6MWX1.1	Q79FV6.1
Q79FS5.1	Q79FQ7.1	Q79FP3.1	Q79FP2.1	Q79FK9.1	Q79FE6.1	I6XEF1.1	Q79FD4.1
Q6MX26.1	Q6MX50.1	L7N680.1	O53695.1	I6X8R2.1	O53246.1	I6Y0L1.1	Q2G282.1
P14283.1	P04977.1	P9WMX7.1	P9WFR1.1	P9WN09.1	O86345.1	P9WGU1.1	P9WGT9.1
P9WGT7.1	P9WPF7.1	P9WIB3.1	P9WMM9.1	P9WHM5.1	P9WQE9.1	Q8DQ08.1	Q8DQ07.1
I6Y231.1	P9WHV9.1	O05877.1	O07236.1	O86370.1	O06404.1	O06410.1	B8ZRL2.1
O06807.1	O33269.1	Q79FA9.1	Q79FK6.1	Q8VKN2.1	L7N675.1	Q79FK5.1	L0T7Y7.1
Q79FI9.1	Q79FE1.1	Q6MWX9.1	O84616.1	O84647.1	P9WQ27.1	O84288.1	I6X9S5.1
P9WJW3.1	P9WPS9.1	P95149.1	O53632.1	I6Y293.1	L0T243.1	P9WP43.1	P9WKC9.1
P96402.1	P71810.1	O06417.1	P96365.1	L0T5B2.1	P96264.1	P9WJK5.1	P9WJQ9.1
O84419.1	O84818.1	Q8YG32.1	O06608.1	O07175.1	P9WGA3.1	O53323.1	P96354.1
P9WIM9.1	B8ZRT2.1	P9WK93.1	P13423.1	O84583.1	P9WG63.1	P9WIM1.1	P9WKJ3.1
P9WNZ7.1	P9WK31.1	Q50701.1	P9WID3.1	Q8YC41.1	P9WPL3.1	P9WNI3.1	P9WNI7.1
P9WNI5.1	P9WQ49.1	P9WMG1.1	Q2GGR3.1	P9WK71.1	O33192.1	P9WND5.1	P9WFL9.1
P9WMB7.1	P9WJ79.1	P9WND7.1	Q63RA7.1	Q63ID0.1	I6YET7.1	Q9S010.1	P9WGC9.1
Q50700.1	Q5NFR6.1	P9WGK3.1	P9WHI1.1	P9WHV3.1	Q5NIA7.1	P9WG27.1	P9WF73.1
P9WGA1.1	P9WIB9.1	P9WGL3.1	O51381.1	P9WI83.1	P9WI79.1	P9WFT7.1	Q8YGS6.1
P05788.1	P17835.1	P9WIK9.1	Q5NHP7.1	P9WJU5.1	P9WGE7.1	Q2G2B2.1	P04958.1
P9WG67.1	P9WKE1.1	O07226.1	P9WJ13.1	P9WHF3.1	P9WF43.1	Q7D7L0.1	P9WMF9.1

[0174]

P9WGN1.1	P9WKJ9.1	P60230.1	P9WKH7.1	O53699.1	P9WHT7.1	P9WJS5.1	Q5NII0.1
Q8YDZ3.1	Q9RPX7.1	P9WN67.1	O05576.1	Q5NHL4.1	P9WN15.1	P9WMD5.1	P9WMF5.1
P9WG85.1	P9WJW7.1	P9WIH1.1	P9WIG1.1	P9WIG3.1	P9WIF5.1	P9WIF1.1	P9WIE7.1
P9WHW9.1	P9WI41.1	P9WI39.1	P9WI37.1	P9WI25.1	Q11031.1	P9WI47.1	P9WI23.1
P9WI19.1	P9WI11.1	P9WI45.1	P9WI07.1	P9WI05.1	Q79FH3.1	P9WI43.1	P9WHZ7.1
P9WHZ5.1	P9WHZ3.1	P9WHY9.1	P9WHY7.1	P9WHY5.1	Q6MX07.1	P9WHY3.1	Q6MWY2.1
Q50703.1	P9WHX3.1	P96221.1	Q7D589.1	P9WMA3.1	P9WKW1.1	P9WKS9.1	P9WM29.1
P9WGC1.1	P9WLZ5.1	P9WLZ3.1	P9WLX1.1	P9WLV9.1	P9WLS7.1	P9WLQ1.1	P9WLJ1.1
P9WLH9.1	P9WLF3.1	P9WL97.1	P9WL87.1	P9WL85.1	P9WL83.1	P9WL67.1	P9WL63.1
P9WL51.1	P9WL47.1	P9WNH3.1	P9WGL7.1	P9WQM5.1	P9WPD9.1	A0A098A1N7.1	A0A098A2B0.1
A2RGM0.1	A5LVF6.1	A5MKZ9.1	B8ZQI8.1	B8ZQM3.1	B8ZQT5.1	B8ZR82.1	B8ZRH1.1
B8ZS71.1	B8ZS85.1	B8ZS86.1	B8ZSJ5.1	B8ZSL3.1	B8ZSL7.1	B8ZSM6.1	B8ZT30.1
B8ZTD0.1	B8ZTS2.1	B8ZTV5.1	B8ZU53.1	B8ZUA4.1	B8ZUE5.1	B8ZUF0.1	B8ZUT6.1
B8ZUX6.1	C0R9U8.1	C6DPT8.1	C6DQ35.1	E1XJN6.1	G8W6L3.1	G8W6L7.1	G8W6U7.1
H6MNY3.1	H6MQD5.1	H8HRN0.1	H8HW90.1	H8L8K3.1	I6TQ53.1	I6TX52.1	P0C5B9.1
Q1BYS7.1	R4MDK6.1	S5F815.1	W6GWM1.1	P9WFC9.1	P9WFJ9.1	P14916.1	P69996.1
P9WFC5.1	Q8VKQ6.1	P9WHS3.1	A5MKI6.1				

[0175]

表5 IEDB和UNIPROT的真菌抗原的登录号列表

Q5ANA3.1	Q5A3P6.1	Q59VM7.1	Q5A1A9.1	Q5APF0.1	Q8J0P4.1	Q4WHG0.1	Q4WQ87.1
Q59X67.1	Q59Z17.1	Q59ZI3.1	Q5AA33.1	B8N4Q9.1	Q4WAW6.1	Q4WAJ6.1	Q4X1V0.1
A0A1D8PQ86.1	Q59ZB1.1	Q873N2.1	Q59L72.1	B8NIF0.1	P46075.1	Q4WCL1.1	Q4WRP2.1
Q59L12.1	Q59LC9.1	P48989.1	Q5AFC2.1	B8N406.1	Q4WGL5.1	Q9HEQ8.1	Q4WVI6.1
P46593.1	P82611.1	Q5ADV5.1	Q59SG9.1	P41750.1	O00092.1	Q4WEN1.1	Q4WCV3.1
P0DJ06.1	O94038.1	Q59WD3.1	Q59RQ0.1	B8NM71.1	Q4WLW8.1	Q4WI37.1	Q4WNI1.1
P29717.1	P46589.1	Q59W04.1	Q59RK9.1	B8MYS6.1	Q8X176.1	Q4WZS1.1	Q4WQH4.1
Q9UW14.1	Q5AF56.1	Q59VN0.1	P31353.1	B8N8Q9.1	Q96UX3.1	Q4WDA4.1	Q4WDE1.1
Q92207.1	P83773.1	Q59WB9.1	Q5ACM4.1	B8N8R3.1	Q4WPF5.1	Q4WLS7.1	Q4WJT7.1
Q5A8T7.1	Q59YU1.1	Q59P53.1	Q5ACI8.1	B8N417.1	Q92450.1	Q4WWM6.1	Q4WLG1.1
Q5A8T4.1	Q59YV2.1	Q5A432.1	Q5AB93.1	B8N8R0.1	Q4WAW9.1	Q4WP81.1	Q4WQR6.1
P43076.1	Q5ABE5.1	Q5AK64.1	Q5ALL8.1	B8NM74.1	A4GYZ0.1	Q6MYT0.1	Q4WZS2.1
Q5AP53.1	Q59LF2.1	A0A1D8PNZ7.1	Q5A4X8.1	B8N106.1	Q4WAW3.1	Q4WTL0.1	Q4WXP0.1
Q5AL52.1	Q8NJN3.1	Q59Q30.1	Q5AD34.1	B8NHY4.1	Q70J59.1	Q4WXV2.1	Q4WU59.1
P43079.1	Q5ALN1.1	A0A1D8PN12.1	Q59V02.1	B8NJG8.1	Q4X1A4.1	Q4X0Z3.1	Q4WUG4.1
Q5AD07.1	Q59S72.1	Q5AK24.1	Q5AHC0.1	B8NM66.1	E9R876.1	Q4WN25.1	Q4WIK9.1
Q5A0E5.1	Q59K86.1	Q5AFT2.1	Q59Y11.1	B8MYL0.1	M4VQY9.1	Q4WN21.1	Q4WYP0.1
Q5AKU6.1	Q5AGD1.1	Q5A0W6.1	Q59QA5.1	B8NM62.1	Q4WF53.1	Q4X1N0.1	Q4X0B5.1
Q59RL7.1	P79023.1	P0CB63.1	Q5AMJ5.1	B8NGT5.1	Q4WZ64.1	Q4WQV2.1	Q4WYK9.1
G1UB61.1	Q59LP6.1	Q59U11.1	Q5AMF7.1	B8NM64.1	Q4WAZ0.1	Q4WZP2.1	Q4WY33.1
Q5ABC6.1	Q5AP87.1	P83775.1	Q5ABW2.1	B8NV37.1	Q4WR16.1	Q4WVK2.1	Q4X1F8.1
A0A1D8PQB9.1	P22274.1	Q5APF2.1	Q5APJ9.1	B8N151.1	Q4WLB9.1	Q4WUA0.1	Q4WA45.1
P87020.1	Q5AC48.1	Q59VP2.1	Q5AM72.1	B8NEJ3.1	Q4WQS0.1	A4DA84.1	Q4WKD7.1
P0CY27.1	Q5AP59.1	Q5AEE1.1	Q5ACU3.1	B8N8M2.1	Q4WEP7.1	Q4WJX0.1	Q4WCH5.1
Q59XX2.1	Q59MV1.1	Q5AMR5.1	Q5A1V3.1	B8MYV0.1	E9R9Y3.1	Q4WP38.1	Q4WXY3.1
Q59U10.1	Q5AL27.1	Q59SU5.1	Q59RF7.1	B8N7I7.1	P41748.1	Q4X1D7.1	Q4WPL7.1
Q59RW5.1	Q5AJD2.1	Q59VP1.1	Q5ACN3.1	B8NJG3.1	Q4WYG3.1	Q4W9Z9.1	Q4X136.1
Q59MQ0.1	P0CU38.1	Q5ADQ0.1	Q5AHE8.1	B8N8R1.1	P87184.1	Q4WE62.1	Q4WZ44.1
Q5ABU7.1	Q59QC5.1	Q5AK59.1	Q5AHA4.1	B8NJH2.1	Q4WBS1.1	Q4WZL3.1	Q4WTC7.1
Q9Y7F0.1	Q5A5N6.1	Q59RH5.1	Q5AEG7.1	B8NQ51.1	Q70DX9.1	Q4WB37.1	Q4WMK2.1
Q5AC08.1	Q59Q79.1	Q5ACW8.1	Q59V01.1	B8NM63.1	Q4WG16.1	Q4W9Z4.1	Q4WNC9.1
P30575.1	Q5AH38.1	Q5AGM0.1	Q5AK97.1	B8NM73.1	Q96X30.1	Q4WDD0.1	Q4WY67.1
Q5AAG6.1	Q5AMN3.1	Q59VN2.1	Q5A1B2.1	B8NYX0.1	Q4WV19.1	Q4WKB9.1	Q4WU12.1
O74189.1	Q5A1Z5.1	O94069.1	Q5AJK6.1	B8N3P7.1	Q4WAZ6.1	Q4WU07.1	Q4WA61.1
Q59W62.1	Q5A6K2.1	P0CY20.1	Q59L96.1	B8NJH1.1	Q4W944.1	Q4WBL6.1	Q4WA58.1
P0CY34.1	Q59L25.1	Q59XQ1.1	Q59MD0.1	B8MXJ7.1	Q4WTV7.1	Q4WX13.1	Q4WA60.1
Q5A1D3.1	Q5A922.1	O94048.1	Q5AG46.1	B8NJB0.1	Q4WMJ9.1	Q4WV71.1	Q4WX36.1
Q5AJU7.1	Q5AFG1.1	Q5ADX2.1	Q59VW6.1	B8NPS7.1	Q4WZ65.1	Q4X0C2.1	Q4WA62.1
Q5A4H5.1	Q5ALR8.1	P46586.1	Q5A8I6.1	B8N7Z8.1	A0A067Z9B6.1	Q4WRU4.1	Q4WA59.1
Q59Y31.1	Q5AEI2.1	P83776.1	Q9UW24.1	B8NSV5.1	Q66WM4.1	Q4WGS4.1	Q4WXQ7.1
P0CY29.1	Q5AI71.1	Q5A895.1	Q59Q38.1	B8MZA3.1	Q6T267.1	Q4WP13.1	Q4WVA0.1
Q5ANJ4.1	Q5ABA6.1	Q59PP0.1	Q5ADL0.1	B8NLY9.1	Q4WLW5.1	Q4WHG5.1	Q4WDN4.1
Q59NH8.1	Q5ABX0.1	Q5AHH4.1	Q5AH11.1	B8NR69.1	Q4WMJ0.1	Q4WPF7.1	Q4WK03.1
P0CY33.1	Q5A4N0.1	Q96UX5.1	Q59W55.1	B8MZ41.1	Q4WQU0.1	Q4WH83.1	Q4WCG2.1
Q00310.1	Q59TN9.1	P87206.1	Q5AC37.1	B8N7S7.1	Q4WMJ8.1	Q4WXW1.1	Q4WX99.1
Q5A0W9.1	Q5A5S7.1	Q5A029.1	Q5A7Q3.1	B8NR71.1	Q4WWN8.1	Q8NJM2.1	Q4WV10.1
Q5A4M8.1	Q59UG3.1	Q5A1E0.1	Q59PV6.1	A0A0D9MRV9.1	Q4WZ63.1	Q4WWD3.1	Q4WIS6.1
Q5AJC0.1	P0C075.1	Q59XL0.1	P0CH96.1	P55790.1	Q4WVN4.1	Q4WPU8.1	Q4WP65.1
Q59SU1.1	Q59R09.1	Q5A6U1.1	P83782.1	B8NM72.1	Q4WAY8.1	Q4WN99.1	Q4WUK1.1
Q5AG71.1	Q9B8D4.1	Q5A8I8.1	Q5A660.1	B8MW78.1	Q4WY07.1	P0C959.1	Q4WKN3.1
Q5AMT2.1	Q9B8D3.1	Q59PR9.1	Q59YT1.1	Q9P900.1	Q4WZ66.1	Q4X0S7.1	Q4WG58.1
Q59KY8.1	Q9B8D5.1	O74261.1	P53709.1	B8NDE2.1	Q4WQZ5.1	Q4WPW2.1	Q4WXX9.1
Q59LY1.1	Q59LR2.1	Q96VB9.1	Q5ACX1.1	B8NJF4.1	O42630.1	Q4X1U0.1	Q4WC37.1
Q59UT4.1	Q5AED9.1	Q5AQ47.1	Q5ADP9.1	B8NIV9.1	P0C7S9.1	Q4WP57.1	Q4X1Y0.1
Q5ABC5.1	Q5A4W8.1	Q5A985.1	Q92210.1	B8NG16.1	Q4WI46.1	Q4WPH9.1	Q4WZL8.1

[0176]

Q59MV9.1	Q5ANH2.1	Q59ZW2.1	Q59MA3.1	B8NX60.1	Q4WQY4.1	Q4WDK5.1	Q4WR80.1
Q59MD2.1	Q5A649.1	P83784.1	Q5AFK3.1	B8NM75.1	Q4WAY3.1	Q4WI71.1	Q4WY53.1
Q5A8N2.1	Q5AI22.1	Q59P11.1	Q59S63.1	B8MZZ6.1	Q4WT66.1	Q4WYS7.1	Q4WL88.1
P40953.1	Q5A950.1	Q5ADN8.1	Q5A0Y2.1	B8NM67.1	Q6MY57.1	Q4WY08.1	Q4WGV9.1
Q5APR8.1	Q5ANC9.1	Q5A849.1	Q5ALW7.1	B8NRX2.1	P0C954.1	Q4WND3.1	Q4WC29.1
P10613.1	Q59UH7.1	Q5A7R7.1	Q59W52.1	B8NXJ2.1	Q4W946.1	Q4X1D2.1	Q4WKV8.1
Q5A5Q6.1	Q5ALX8.1	Q59XB0.1	Q59S42.1	B8NMD3.1	Q4WMJ5.1	Q6MY91.1	Q4WYA5.1
Q5A4F3.1	Q5AI37.1	Q59P96.1	Q5A961.1	B8NBI2.1	Q70GH4.1	Q4WRV2.1	Q4WCM6.1
P43094.1	Q5ABV4.1	Q59SR6.1	Q59ST6.1	B8NPA4.1	Q4WUL6.1	Q4WRX4.1	Q4WKB2.1
Q9P940.1	Q5AKU4.1	Q9P975.1	Q59N74.1	B8N803.1	P61832.1	Q4WP03.1	Q4WNG7.1
Q5AJY5.1	Q59VY1.1	O94083.1	Q5A6P6.1	B8NPT0.1	Q4WG11.1	Q4WTA6.1	Q4WRE8.1
P39827.1	Q59Z51.1	Q5AIA4.1	Q59XM0.1	B8MXP5.1	Q4WYU4.1	Q4WZJ0.1	Q9P8P4.1
Q59WF4.1	Q59LV8.1	Q59YF4.1	Q5A4N5.1	B8NIB8.1	Q4WYR6.1	Q4W9S8.1	Q4WJS4.1
P83774.1	Q59X11.1	Q59XW9.1	Q5A6M2.1	B8N9H4.1	Q4WNE1.1	Q4X054.1	Q4WHW1.1
Q59Q46.1	Q5ABQ7.1	Q59WU8.1	Q5A5M7.1	B8NNK9.1	Q4WQZ6.1	Q4X1I3.1	Q4WYG7.1
Q59X23.1	Q59PZ3.1	Q5AAR0.1	Q5A6N8.1	B8NI03.1	Q4WWC6.1	Q4W9V1.1	Q4WJH4.1
P46614.1	O13332.1	Q5AQ62.1	Q9UVJ4.1	B8NM76.1	Q6Q487.1	Q4WDF1.1	Q4WJM6.1
Q5AQ33.1	Q5AHD6.1	Q59R35.1	Q59V88.1	B8NM79.1	P0C957.1	Q4WWN2.1	Q4WMB6.1
P82610.1	A0A1D8PPG4.1	Q5A847.1	Q59RA0.1	B8NJG9.1	Q4WM08.1	Q4WTH0.1	Q4WMU9.1
Q5AP80.1	Q5ADW3.1	Q5A6A4.1	Q59XU5.1	B8NPL7.1	Q4W9B8.1	Q4WJQ1.1	Q4WIF3.1
P46598.1	Q5AML6.1	Q5A4Q1.1	Q5AH12.1	B8NMR5.1	Q4WWJ1.1	Q4WKL7.1	Q4WEH7.1
Q5A506.1	Q5A846.1	P0CY22.1	Q59ZX3.1	B8NP65.1	E9RCR4.1	Q4WX90.1	Q4WT34.1
Q5A599.1	A0A1D8PPI5.1	P42800.1	Q5AB48.1	B8N5S6.1	Q4WM67.1	Q4WG69.1	Q4WT99.1
Q59NP5.1	P0CT51.1	Q59KI4.1	Q5A3Q0.1	B8NJ86.1	Q4WUN7.1	Q4WM32.1	Q4X0N1.1
Q5AHA0.1	Q59MA6.1	Q59JU3.1	Q5A6M0.1	P41747.1	E9QRF2.1	Q4WTI3.1	Q4WSA8.1
Q07730.1	Q5ALW2.1	P83777.1	Q5AL29.1	P41765.1	Q4WK60.1	Q4WHX4.1	Q4WLD1.1
Q5AD05.1	Q5ABU8.1	Q5A310.1	Q59KG2.1	B8N6V7.1	Q4WZ61.1	Q4WXE9.1	Q4WMU5.1
Q5AME2.1	Q5AEC6.1	Q59N80.1	O42825.1	B8NKE9.1	Q4W945.1	Q4X0X6.1	O13410.1
P41797.1	Q5A4X0.1	Q5AJ77.1	O59931.1	B8NGU6.1	Q4WMA6.1	Q4W8Z9.1	Q4WG40.1
P0CY24.1	Q59LX9.1	Q59ZV4.1	Q5AM44.1	B8NBP9.1	Q4WNS8.1	Q4WEB4.1	Q4WLD5.1
Q5ACZ2.1	Q59PE7.1	Q59XA7.1	Q59RP7.1	B8N8R2.1	Q4WDE9.1	Q4WDH3.1	Q4WLD4.1
Q5ABE2.1	Q5ACL9.1	Q59L13.1	Q5AK94.1	B8NKI4.1	Q4WUR1.1	Q4X1N4.1	Q4WLD2.1
Q59M56.1	Q5ABT8.1	Q5AG97.1	Q5AKB1.1	B8NQQ7.1	Q4WQ08.1	Q4WMP0.1	Q4WLC9.1
Q5AK51.1	Q5AMH3.1	Q5AB15.1	Q59VM4.1	B8NJH0.1	Q4WF61.1	A4D9B6.1	Q4WQ54.1
Q59UT5.1	Q5AEF0.1	Q59S66.1	Q5A246.1	B8NKB9.1	Q7LKT3.1	Q4WD45.1	Q4WAZ8.1
Q5AAF4.1	Q5AJC1.1	Q59KN8.1	Q5AJ92.1	B8NM78.1	Q4WQZ3.1	Q4WM95.1	Q4X161.1
G1UBC2.1	Q59VP0.1	Q5A8X9.1	Q5A2V2.1	B8NTP7.1	Q4WAZ3.1	Q4X0I8.1	Q4WB00.1
Q5ADT1.1	Q5AGC7.1	Q5AFP8.1	Q5ABP8.1	B8MWJ5.1	Q4WNV0.1	Q4WLV6.1	Q4WQ14.1
O59923.1	Q5AQ12.1	Q9P8W1.1	Q5AAV3.1	B8N7G5.1	Q4WRZ5.1	Q4W9R2.1	Q4WP12.1
Q5AL03.1	Q59X94.1	Q9P8W0.1	Q59SN0.1	B8NER4.1	Q4WPF2.1	Q4WAW8.1	Q4WCR3.1
Q5A2Z7.1	Q5AFX2.1	Q9P4E7.1	Q5ACU6.1	B8NJH3.1	Q8TFZ1.1	Q4WMS0.1	Q4WAQ9.1
Q59VH7.1	Q5A1E3.1	Q9P8V9.1	Q9Y7C4.1	B8NDL1.1	Q4WB03.1	Q4WAW5.1	Q6MYX6.1
Q59KZ1.1	O43101.1	Q5A7Q6.1	Q9HFQ7.1	B8NWY6.1	P40292.1	Q4WAX0.1	Q4WZJ6.1
Q5A960.1	Q59WU0.1	Q5A6N1.1	Q5A3J1.1	B8NC58.1	Q4WPN0.1	Q4WTQ4.1	Q4WP59.1
Q5AFA2.1	Q5A893.1	Q5AI58.1	P40910.1	B8NIM4.1	Q4X1D4.1	Q4WJ80.1	Q4WLC8.1
Q5A5U4.1	P43069.1	Q9P4E5.1	Q5AQ57.1	B8NXI4.1	Q4WBW4.1	Q4WD43.1	Q4WVM1.1
Q5AQ36.1	Q59LN9.1	P0CH67.1	Q5ACL4.1	B8NJG5.1	Q4X180.1	Q4WD44.1	Q4WLP9.1
Q9URB4.1	Q5AA40.1	Q5A387.1	Q5A449.1	B8NYD8.1	Q4WQZ4.1	Q4WD46.1	Q4WHD2.1
Q5AL36.1	Q59S45.1	Q59NB8.1	Q59S27.1	B8NYX1.1	Q4WZ69.1	Q4WD48.1	Q4W9T6.1
P86029.1	Q5AM60.1	Q92209.1	Q59VF9.1	B8NX76.1	Q4WFK4.1	Q4WD42.1	Q4WR79.1
O13289.1	Q5AD67.1	Q5A7M3.1	Q5A7S5.1	B8NL00.1	Q4WUE0.1	Q4WAX1.1	Q4WHF8.1
P43063.1	Q59LV5.1	Q59QC4.1	O42817.1	B8NSP6.1	Q4WHP6.1	Q4WY16.1	Q4WV23.1
Q5A651.1	Q5AG86.1	Q59PT4.1	Q5AJ85.1	B8N2I5.1	Q4WWC5.1	Q4WMJ1.1	Q4WYA1.1
Q59YH3.1	Q59ST8.1	Q5AKW3.1	Q59P44.1	B8NP78.1	Q4WTN9.1	Q4WBL2.1	Q6MY48.1
P82612.1	O93803.1	Q9P4E8.1	Q59KC4.1	B8NE46.1	Q4WR17.1	Q4WIQ0.1	Q9UUZ6.1
P53705.1	Q5AFT3.1	Q9P4E6.1	Q59XV0.1	B8NMK3.1	Q4WA15.1	Q4WID9.1	Q4WRH5.1
Q5AMQ6.1	Q5A519.1	Q59MJ2.1	Q5ABV6.1	B8NG97.1	Q4WZ11.1	Q4WPG0.1	Q4WEU2.1
Q9Y7W4.1	O74161.1	Q59LL4.1	Q59UH5.1	B8N316.1	E9RD40.1	Q4WDM5.1	Q8NKF4.1
Q5A688.1	Q59RN6.1	Q59S43.1	Q5A869.1	B8NYW9.1	A4DA85.1	Q4WYV0.1	Q9HGV0.1
P25997.1	Q5A3Z5.1	Q59P87.1	Q5AEF2.1	B8NBJ4.1	P54267.1	Q4WEY4.1	Q4X156.1
Q5AHG6.1	P31225.1	Q5AEN6.1	Q5A0W7.1	B8N7E5.1	P0C958.1	Q4WN24.1	Q4WXZ5.1
Q8TGH6.1	Q59QC6.1	Q59LF9.1	P83783.1	B8NM69.1	Q4WQZ7.1	Q4WQ21.1	Q4X1R1.1
Q5ABD0.1	Q9I589.1	Q5ADX5.1	Q59XP0.1	B8N306.1	Q9Y8D9.1	Q4WNN2.1	Q4WXX4.1
Q5AL16.1	Q5A8W9.1	P83778.1	Q5AP66.1	B8N7Z0.1	Q4WBR2.1	Q4WAH2.1	Q4WJE9.1
Q59RR0.1	Q5APG6.1	Q5AG31.1	Q5AGZ9.1	B8NJB2.1	Q4WL66.1	Q4WT40.1	P41746.1
Q59KM8.1	Q59YD9.1	Q5AHZ7.1	Q5AFE4.1	B8NWE1.1	Q4WVG8.1	Q4WFT3.1	Q4WDF7.1
Q5A220.1	Q5AEN1.1	Q5ACU4.1	Q59PE4.1	B8NIM7.1	Q4WZ68.1	Q4WQM4.1	Q4X0T4.1
Q92206.1	Q8X1E6.1	Q59PD6.1	Q59LF3.1	B8NKA3.1	Q8TGG8.1	Q4X0W8.1	Q4WNX1.1
Q59Z29.1	P56553.1	Q5A940.1	Q9P8E3.1	B8NK45.1	Q4X0A9.1	Q873N1.1	Q4WTM9.1
Q5AK66.1	Q59WI7.1	Q59M70.1	Q59S78.1	B8NBX4.1	Q4WHG1.1	Q4WR23.1	Q4WQM6.1
P46273.1	Q5ALY0.1	Q5A917.1	Q59L89.1	B8NVK8.1	Q4WVE3.1	Q4WEI5.1	Q4WV66.1
Q5AFI4.1	Q5A0A9.1	Q5ANA8.1	P46250.1	B8NI10.1	Q4X162.1	Q4WE68.1	Q4WKH9.1
Q5ALV2.1	Q5A884.1	Q5A3M6.1	Q5AQ76.1	B8NSW2.1	Q6A3P9.1	Q4WR21.1	Q4WI01.1
Q5A312.1	Q9B8D8.1	Q59MC8.1	Q5AI21.1	B8NA06.1	Q4WQI1.1	Q4WTC4.1	Q873W8.1
Q5A3V6.1	Q59PZ7.1	Q5A3K2.1	Q96W54.1	B8NLL0.1	O43102.1	Q4WPV8.1	Q4WPW8.1
Q59TB2.1	Q9B1P9.1	Q5A644.1	P0CU35.1	B8NBB2.1	Q7Z8P9.1	Q4WYF1.1	Q4X1W8.1

[0177]

Q59KI0.1	Q59MA9.1	Q59ZH9.1	O94150.1	B8NBM3.1	Q4WAY4.1	Q4WJM7.1	Q4WV30.1
Q5APU2.1	Q5ACH7.1	Q71U11.1	Q5ADT9.1	B8NA66.1	Q4X1Q4.1	Q4WHP5.1	Q4WUG9.1
O42766.1	P0C8K9.1	Q5AJF1.1	Q5A0L9.1	B8NUL8.1	Q4WJ90.1	Q4WHU1.1	Q4WYF4.1
Q5A446.1	Q59MF9.1	Q59YV0.1	Q5ACV9.1	B8N076.1	Q4X117.1	Q4WT68.1	Q4WK80.1
Q59UY7.1	Q5AI44.1	Q59S85.1	Q5A1D5.1	B8NVB7.1	Q4WBU0.1	Q4U3Y2.1	Q4WGU1.1
Q5A6T5.1	Q5AL10.1	Q59PP6.1	Q5A744.1	B8NBC2.1	Q4X228.1	Q4WSM6.1	Q4WYK1.1
G1UB63.1	Q5AED6.1	Q59X40.1	Q5A455.1	B8NJL4.1	Q6MYX3.1	Q4W9B9.1	Q4WNC1.1
Q59QC7.1	Q5AGE5.1	O94030.1	Q5AAU3.1	B8NR70.1	Q4X084.1	Q4WHB7.1	Q4WQC5.1
P34948.1	Q59LQ5.1	Q5AL63.1	Q9C0L9.1	B8NGP8.1	Q4X251.1	Q4WNA1.1	Q4WJS7.1
P46592.1	P0C8L0.1	Q5A0Y8.1	Q5AFV3.1	B8NXS9.1	Q4WHZ9.1	Q4WHH4.1	Q4WHK3.1
Q5A872.1	Q5A301.1	Q5A723.1	Q5A360.1	B8NDZ1.1	Q4WLA7.1	Q4WA21.1	Q4X0M4.1
Q59QW5.1	Q59X26.1	Q5A1A0.1	Q5AI90.1	B8NW70.1	Q4WXH8.1	Q4WCP8.1	Q4WLI5.1
Q59WH0.1	Q5AML2.1	Q5A4G2.1	Q5AD73.1	B8MW97.1	Q4WAS9.1	Q4WVH0.1	Q4WP54.1
Q5A1N6.1	Q59W50.1	Q5A970.1	Q5AD77.1	B8N9M2.1	Q4WZ60.1	Q4WUJ6.1	Q4WNH8.1
Q5AAJ8.1	Q59ZG8.1	Q59Y46.1	P87219.1	B8N195.1	Q4WYG2.1	Q4WWP1.1	Q4WTT2.1
Q5AG40.1	Q59VC6.1	Q5AHC2.1	Q59QH6.1	B8MYS5.1	A4D9R3.1	Q4WS57.1	Q4WEL6.1
Q59P39.1	Q59ZY9.1	Q59V93.1	Q59PT6.1	B8NNI2.1	Q4WR20.1	Q4WVD9.1	Q4WI38.1
Q5AJB1.1	Q5AL13.1	Q59SI5.1	Q5A5N5.1	B8NJZ7.1	Q4WA22.1	Q4WK77.1	Q4WTT7.1
Q59UP6.1	Q59NY7.1	Q59RR3.1	Q5ADL4.1	B8N6H2.1	Q4WM60.1	Q4WCL2.1	Q4WWS3.1
Q5AMH6.1	Q5AP89.1	Q5APQ8.1	Q5AM84.1	B8NIX4.1	Q0H904.1	Q4WN75.1	Q4WVH3.1
Q59SF7.1	Q59XY0.1	P87207.1	Q5AK73.1	B8NGC8.1	P78574.1	Q4WES5.1	Q4WD95.1
Q59VX8.1	Q5ADL9.1	Q59MZ9.1	Q5A4H9.1	B8N970.1	Q4WAR8.1	Q4WVT3.1	Q4WLP1.1
Q59WG7.1	P53698.1	Q59Y41.1	Q5ALX5.1	B8MY73.1	Q4WNK7.1	Q4WVV6.1	Q4WQI6.1
Q5AFN8.1	Q5AJX2.1	Q59S52.1	Q5A748.1	B8N6W5.1	P78746.1	Q4WP83.1	Q4WCJ7.1
Q59TP1.1	Q5APS5.1	Q59U73.1	Q5ALU2.1	B8N3L3.1	Q4WPF8.1	Q4WAY7.1	Q4WTT8.1
Q5AF39.1	Q59PG6.1	Q9Y872.1	Q5A2B9.1	B8NPS8.1	Q4WX43.1	Q4WX89.1	Q4WWR2.1
Q5AP97.1	Q59NP1.1	Q5AGA9.1	Q5ALX3.1	B8NTI4.1	Q4WQL4.1	Q4WYT0.1	Q4WWL0.1
Q5A5U9.1	Q59PD3.1	Q59VL7.1	Q5A1M3.1	B8MYS7.1	Q4WBE1.1	Q4WNT9.1	Q4WZT9.1
Q5AF41.1	Q5ACW2.1	Q59KJ7.1	Q5A4H4.1	B8NM70.1	Q4WQT2.1	Q4WVS4.1	Q4X0I7.1
O13318.1	Q5ANB2.1	Q5AP90.1	Q5AA26.1	B8MYS8.1	Q4WBT5.1	A4D9J5.1	Q4WU00.1
Q5AA09.1	Q5AJD0.1	Q5AD72.1	Q5ANL6.1	B8N6M6.1	Q4WQZ2.1	Q4W9B7.1	Q4WRW0.1
Q5A762.1	Q5A4P9.1	Q59S59.1	P87218.1	B8NCU7.1	Q4WD47.1	Q4WNC6.1	Q4W9V0.1
P46587.1	P78599.1	Q5APM7.1	Q59KF3.1	B8N5T6.1	Q4WCZ8.1	Q4WJW8.1	Q4WYJ7.1
Q5A287.1	Q5APC8.1	Q5A2Z1.1	Q59N29.1	B8MVS3.1	Q4WB01.1	Q4WH96.1	Q4WHY5.1
Q59X49.1	Q59LU0.1	Q59TD3.1	Q5A0L7.1	B8NCM8.1	Q4WBK6.1	Q4X0I5.1	Q4WEP0.1
Q5ADM9.1	Q5APT8.1	P84149.1	Q59UG4.1	B8NW36.1	Q4WRQ7.1	Q4WMS9.1	Q4WXD3.1
Q5AH02.1	Q59PR3.1	Q5AI97.1	Q5AHK2.1	B8NJG7.1	Q4WTQ6.1	Q4WAH4.1	Q4WJ02.1
Q5A4X5.1	Q5A2W2.1	Q5A2A2.1	Q5ADP6.1	B8N7Z6.1	Q4WJ21.1	Q4WII3.1	Q4WP96.1
Q5A4E3.1	Q5A4E2.1	Q5A044.1	Q5AK62.1	B8NGU1.1	Q4WPQ8.1	Q4WJA1.1	Q4WN54.1
Q5A761.1	Q5A309.1	Q59P03.1	Q59YF0.1	B8NC10.1	Q4WR62.1	Q4W9R7.1	Q4WCW2.1
Q9UW23.1	A0A1D8PL26.1	Q59TU0.1	Q5AAJ7.1	B8N4P0.1	Q4WD56.1	Q4WPP2.1	Q4WPM6.1
P53704.1	P0CU37.1	Q5APK7.1	Q5A8H7.1	B8NPN0.1	Q4WIN6.1	Q4WNQ6.1	Q4WNW3.1
Q59VR1.1	Q5AF95.1	Q59ST1.1	Q59U81.1	B8NQ08.1	Q4U3E8.1	Q4WNI0.1	Q4WSI0.1
G1UB67.1	Q59MW2.1	Q5A7N3.1	Q5APB6.1	B8N3N5.1	Q4X195.1	Q4WDG1.1	Q4WNY4.1
P52496.1	Q59S50.1	Q5ANP2.1	Q59WD5.1	Q00049.1	P0C955.1	Q4X0Z7.1	Q4WVF4.1
Q9HEW1.1	Q5AD78.1	O59933.1	Q5ABA2.1	B8NDP1.1	Q4WRH9.1	Q4WMS3.1	Q4WP02.1
Q5A6B6.1	Q5AMM4.1	Q3MPQ4.1	Q5A861.1	B8NEM4.1	Q4WVD1.1	Q4WN42.1	Q4WWH6.1
Q5A1W9.1	Q5AAW3.1	Q59MP1.1	Q5AH87.1	Q9P8Z9.1	Q4WID6.1	Q4WJH6.1	Q4WVE5.1
P30418.1	Q59MG1.1	Q59MB6.1	P33181.1	B8MZJ8.1	Q4WFX9.1	Q4WYS1.1	Q4WHP3.1
Q59SN6.1	Q5ACK7.1	Q5A216.1	Q59Q43.1	B8NX10.1	Q4WRE4.1	Q4WJ01.1	Q4WRE2.1
Q5A343.1	Q5A218.1	Q9UVL1.1	Q5A860.1	B8NV05.1	Q4WC60.1	Q4WGL2.1	Q4WYX0.1
Q5ABZ2.1	Q59SJ9.1	Q59YS7.1	Q59ZW9.1	B8NEI6.1	Q4WR18.1	Q4WP49.1	Q4WRB8.1
Q59MJ1.1	Q5AD49.1	Q5AGA0.1	A0A1D8PI78.1	B8MZI5.1	Q4WQY6.1	Q4WPE6.1	Q4WI88.1
Q5AJ71.1	Q59NX9.1	Q5A687.1	Q59R24.1	B8NSJ0.1	Q4WXK4.1	Q4WWW9.1	Q4WQL0.1
O74201.1	Q5A119.1	Q59R28.1	Q5AHJ5.1	B8NDR8.1	Q4WI96.1	Q4WKB5.1	Q4WDZ0.1
Q5AK54.1	Q59K07.1	Q5AJS6.1	P0C0X3.1	B8NDQ2.1	Q4WVH4.1	Q4WA38.1	Q4WA70.1
O93852.1	Q5AKA5.1	Q5AD59.1	Q59KL6.1	B8N9M0.1	A4D9R2.1	Q4WHL1.1	Q4WQ82.1
Q5AIR7.1	Q59QC2.1	Q5AG73.1	P43072.1	B8NLN6.1	P0C956.1	Q4X1X0.1	Q4WMX7.1
Q5A8K2.1	Q5AL45.1	Q5AND1.1	Q5AF54.1	B8N9X2.1	Q4WR22.1	Q4WRX2.1	Q4X0V2.1
Q8TGB2.1	P0CY19.1	Q59NG5.1	Q59W44.1	B8NM08.1	Q4WQY8.1	Q4WDH9.1	Q4WI16.1
Q5A477.1	Q5AGC4.1	Q59N20.1	P48990.1	B8NSD4.1	Q4WJJ3.1	Q4WMG1.1	Q4WXA1.1
Q5AP95.1	Q5ALP1.1	Q59WJ5.1	Q59U67.1	B8N122.1	Q4X265.1	Q4WDE0.1	Q4WCV5.1
Q5AF03.1	Q5AK42.1	Q5AA50.1	Q5ANB7.1	B8NCF0.1	Q9UVX3.1	Q4WCX4.1	Q4W9M7.1
Q5AMQ4.1	Q5APG7.1	Q5A319.1	Q5A3Y5.1	B8NKS1.1	Q4WR19.1	Q4X122.1	Q4WQY9.1
Q5ANI6.1	Q59Y20.1	Q5AD27.1	Q59SI2.1	B8N3R8.1	Q4WTF3.1	Q4WZF1.1	Q4WX30.1
P78595.1	Q5ALL3.1	Q5AHI7.1	Q5APA2.1	B8NG55.1	Q4WLY1.1	Q4WMU1.1	Q4WUT7.1
Q874I4.1	Q5AAT0.1	Q5ANE3.1	P12461.1	B8N0Q7.1	Q4WMU3.1	Q4WGB7.1	Q4WIQ2.1
Q9UWF6.1	Q59QD6.1	Q59S06.1	Q59TN1.1	B8N513.1	Q4WQG5.1	A4DA73.1	Q4X022.1
Q9UW12.1	Q5AML1.1	P87185.1	Q5A416.1	B8N4F5.1	Q4WPE9.1	Q4WD81.1	Q4WQZ0.1
Q5AAL9.1	Q5ACM9.1	Q5AM50.1	O43133.1	B8NT06.1	Q4WAZ4.1	Q4WHG0.1	Q4WE58.1
Q5AD56.1	Q59Z14.1	Q9B8C8.1	Q59MI8.1	B8NHF2.1	Q4WLN7.1	Q4WAJ6.1	Q4WJR4.1
Q5A7S7.1	Q5AAG1.1	Q9B8C9.1	Q5A302.1	B8MWR8.1	Q4WRB0.1	Q4WCL1.1	Q4WQZ1.1
P28870.1	Q59YL9.1	Q9B8D2.1	Q5AH60.1	B8N4G0.1	Q4WC55.1	Q9HEQ8.1	Q4WQY7.1
Q59NX5.1	Q59PL9.1	Q9B8D1.1	Q5A692.1	B8N9M5.1	Q4WMV5.1	Q4WEN1.1	Q4WQY5.1
Q5ABG1.1	Q59QL0.1	Q59M69.1	Q59Q39.1	Q00278.1	Q4WAZ2.1	Q4WI37.1	Q4WXT2.1
Q5AP52.1	Q5A1U8.1	Q59VX9.1	Q59NW5.1	B8NPX1.1	Q92197.1	Q4WZS1.1	Q8J130.1

[0178]

P0CY31.1	O74198.1	Q59YD8.1	Q5A6Q4.1	B8NYW8.1	Q4WSE8.1	Q4WDA4.1	Q4WJX5.1
P13649.1	Q5A013.1	Q59QH0.1	P43075.1	B8N219.1	Q4WX94.1	Q4WLS7.1	Q4X1I8.1
Q5AG77.1	P87163.1	Q5A8A2.1	Q59Q36.1	B8NQK0.1	Q4WLD0.1	Q4WWM6.1	Q4WVW4.1
Q9UW13.1	Q5AI86.1	Q9B8D7.1	Q92410.1	Q12732.1	Q4WUK5.1	Q4WP81.1	Q4WTH1.1
P0CU34.1	Q5AM80.1	Q9UW25.1	Q5A1M4.1	Q9HEY7.1	Q8TGG5.1	Q6MYT0.1	Q4WLI9.1
P40954.1	Q5A6Q7.1	Q59XY9.1	Q5ANC8.1	Q6UEG8.1	Q4WTK9.1	Q4WTL0.1	Q4WQJ5.1
Q04802.1	Q5AGV4.1	Q5A2T0.1	Q5A4K7.1	O42716.1	Q4WVU5.1	Q4WXV2.1	Q4WQJ2.1
P0CY35.1	Q5AJ82.1	Q5AGW8.1	Q5ADL8.1	Q9UW95.1	Q4WLM7.1	Q4X0Z3.1	Q4WK56.1
Q5AAU5.1	Q5AIA1.1	Q5ADS3.1	Q59RQ2.1	Q9Y8D9.1	Q4W9P4.1	Q4WN25.1	Q4WJS2.1
Q59VQ8.1	Q5A9Z6.1	Q5ACR4.1	Q5APC0.1	A2SZW8.1	Q4WIT0.1	Q4WN21.1	Q4WJT9.1
Q59VF4.1	Q5AGC1.1	P0CU36.1	Q5A931.1	Q2U2U3.1	Q4WQB9.1	Q4X1N0.1	Q4WUV8.1
Q5A0X8.1	Q59ZV5.1	Q5A2Y7.1	Q59VW7.1	Q00258.1	Q4WGK6.1	Q4WQV2.1	Q4WX68.1
O13426.1	Q59VP7.1	Q5A368.1	Q5AKU5.1	Q12437.1	Q4WMR0.1	Q4WZP2.1	Q4WHN8.1
Q5A0M4.1	Q5A7P3.1	Q9B8D6.1	Q59MN0.1	E9QYP0.1	Q4WYE5.1	Q4WVK2.1	Q4WJU8.1
Q59PF9.1	Q5A6K8.1	Q9B8D0.1	Q59WH7.1	Q4WS76.1	Q4WZ01.1	Q4WUA0.1	Q4WBT4.1
Q5AFP3.1	Q5AD13.1	Q5A2K0.1	Q96WL3.1	Q4WMJ7.1	Q4W930.1	A4DA84.1	Q4WZV6.1
Q5AEK8.1	Q04782.1	Q5A1Q5.1	Q59ZX6.1	P28296.1	Q4WBR0.1	Q4WJX0.1	Q4WUV9.1
Q5AFK0.1	Q5A0J9.1	Q5AEM5.1	Q59MU1.1	E9RAH5.1	Q4WHD1.1	Q4WP38.1	Q4WLV2.1
Q5APD4.1	Q59ZZ6.1	Q5AK25.1	Q5A0J0.1	Q4WW81.1	Q4WTB3.1	Q4X1D7.1	Q4WFS2.1
Q5ADQ9.1	Q5AH25.1	Q5AK10.1	Q59WK2.1	Q50EL0.1	Q4WRV9.1	Q4W9Z9.1	Q4WBM1.1
P83779.1	Q59XM1.1	Q5AI15.1	P43073.1	Q4WY82.1	Q4X267.1	Q4WE62.1	Q4WAU7.1
Q5AAH2.1	Q59NN8.1	Q5AEM8.1	P87220.1	Q4WSF6.1	Q4WVZ3.1	Q4WZL3.1	Q4WZS3.1
O74254.1	Q5AP65.1	Q5A4J4.1	Q5ABD9.1	E9RCK4.1	Q4WR24.1	Q4WB37.1	Q4WPU9.1
Q5AL49.1	Q5AFF7.1	Q59YK4.1	P83781.1	Q4WZA8.1	Q4WPM8.1	Q4W9Z4.1	Q4WVZ0.1
P53697.1	Q59VR3.1	Q59WV0.1	Q5ANB1.1	Q4WAW7.1	Q4WE86.1	Q4WDD0.1	Q4WCX9.1
Q5ACL7.1	Q5AFH3.1	Q5AHB1.1	Q5A0E2.1	Q92405.1	A4DA70.1	Q4WKB9.1	Q4WJ38.1
Q5AEM6.1	P83780.1	Q5APK0.1	Q5AMG5.1	Q4WRY5.1	Q4WW45.1	Q4WU07.1	Q4WRC2.1
Q8TG40.1	Q5A4G9.1	Q59PW0.1	Q5A6T8.1	Q7Z7W6.1	Q4WVG2.1	Q4WBL6.1	Q4WWW5.1
Q59X38.1	Q59NQ9.1	O74711.1	Q59WG5.1	Q4WZ67.1	Q4WQG9.1	Q4WX13.1	Q4WC84.1
Q59VQ3.1	A0A1D8PNP3.1	Q5ADN9.1	Q5AI80.1	Q4WZB3.1	Q4WQN1.1	Q4WV71.1	Q4WTW3.1
Q5A7Q2.1	Q5A9Z1.1	Q5ACP5.1	Q5AB49.1	Q4WLN1.1	Q4WCF1.1	Q4X0C2.1	Q4WFV6.1
Q5AJV5.1	A0A1D8PK89.1	Q5A1E1.1	Q59R32.1	Q4WR82.1	Q4WZC3.1	Q4WRU4.1	Q4WKD9.1
Q5A3Z6.1	Q59WB3.1	Q59L86.1	Q5A061.1	O14434.1	Q4WYX7.1	Q4WGS4.1	Q4WP10.1
Q5A201.1	Q59ZC8.1	Q5AD23.1	Q59P50.1	Q4WMK0.1	Q4X0A5.1	Q4WP13.1	C5JZM2.1
O93827.1	Q5A1L6.1	Q5A5U6.1	Q59WC6.1	Q4WPX2.1	Q4WUD3.1	Q4WHG5.1	P0DJ06.1
Q5AAI8.1	A0A1D8PN14.1	Q5ADQ7.1	Q5AI48.1	O43099.1	Q4WS49.1	Q4WPF7.1	P46598.1
Q5A2J7.1	Q5A8X7.1	Q59WJ4.1	Q59ZU1.1	Q4WJ81.1	Q4WCX7.1	Q4WH83.1	P87020.1
P22011.1	Q59X39.1	Q5AGV7.1	Q5AG56.1	P67875.1	Q4WXX5.1	Q4WXW1.1	P38110.1
Q9HGT6.1	Q5ACW6.1	Q59NR8.1	Q59T36.1	Q4WZB4.1	Q4WNB5.1	Q8NJM2.1	C1GK29.1
Q9UW26.1	P0CB54.1	Q5A5K7.1	Q9P840.1	E9QUT3.1	O42799.1	Q4WWD3.1	
Q59LX5.1	A0A1D8PN88.1	Q5A210.1	Q5AHB8.1	Q4WAZ9.1	Q4WHA3.1	Q4WPU8.1	
Q59PT0.1	A0A1D8PMB1.1	Q59N10.1	Q5AKU3.1	Q4WZ70.1	Q4W9M3.1	Q4WN99.1	
Q3MNT0.1	Q5ABR2.1	Q5A1B3.1	Q59ZW4.1	E9RBR0.1	Q4WVH5.1	P0C959.1	

[0179] 模型群体

[0180] 该方法可以包括选择或定义模型人群的步骤。合适的模型群体是与人群或亚群相关的群体，其中意图使用通过所述方法设计或制备的肽来诱导T细胞应答。这可以被称为目标群体或意图治疗群体。通过该方法设计或产生的肽或编码的肽用于在意图治疗群体的受试者中诱导针对靶多肽的T细胞应答的方法中。相关群体是代表性的或类似于意图治疗群体的群体。在一些情况下，模型群体代表整个人类种族。在其它情况下，模型群体可以是疾病和/或受试者匹配的群体(亚群)，例如根据种族、地理位置、性别、年龄、疾病或癌症类型或阶段、基因型和/或一种或多种生物标志物的表达(例如，具有乳腺癌疫苗的BRCA突变的女性)和/或部分地根据HLA基因型(例如，受试者具有一种或多种特定HLA等位基因)与意图治疗的群体匹配的亚群。在一些情况下，意图治疗群体可以是患有癌症或一种类型的癌症的受试者，诸如本文所述的任何受试者。例如，模型群体可以具有I类和/或II类HLA基因组，其代表在世界群体，或受试者和/或疾病匹配亚群中发现的那些。在一些情况下，模型群体通过HLA多样性及/或HLA频率代表至少70％、或75％或80％或84％或85％或86或90％或95％的意图治疗群体。在一些情况下，模型群体可以包含至少100、或200、或300、或400、或500、或1000、或5000、或10000、或15000个受试者。

[0181] 模型群体中的每个受试者最低限度地由其HLA I类或II类基因型，例如完整的4位HLA I类基因型来定义。关于模型群体的HLA基因型的数据可被存储或记录在数据库中或从数据库中检索，或者可以是计算机模拟(in silico)模型人类群体。

[0182] HLA结合标准

[0183] 该方法包括为模型群体的每个受试者鉴定靶多肽内满足某些HLA结合标准的氨基酸序列的步骤，所述HLA结合标准诸如包含可结合如本文所述的多个I类HLA和/或II类HLA分子的T细胞表位。例如，包含能够结合受试者的至少三个I类HLA等位基因的T细胞表位和/或能够结合受试者的至少三个或四个II类HLA等位基因的T细胞表位的氨基酸序列对于诱导CD4+T细胞和/或CD8+T细胞应答是最佳的。在一些情况下，HLA I类结合T细胞表位和HLC II类结合T细胞表位可以重叠。在一些情况下，I类HLA结合T细胞表位可完全嵌入II类HLA结合T细胞表位的序列中。在一些情况下，多个HLA I类和HLA II类结合表位彼此之间在最小距离内，例如在靶多肽的50、或45、或40、或35、或30、或25个氨基酸片段内。

[0184] 该方法包括选择多肽片段窗口长度。多肽片段窗口长度定义了用于识别热点的靶多肽上的片段长度，在热点处，模型群体中的对象的最大数目具有满足HLA结合标准的氨基酸序列。多肽片段窗口长度可以是9至50个氨基酸长。

[0185] 包含如通过本文所述方法鉴定的热点序列的肽可特别用于在意图治疗群体的大部分受试者中诱导T细胞应答。因此，包含此类序列的肽可以根据本公开内容设计或制备，并用于治疗方法中。所述肽可以由靶多肽热点片段的氨基酸序列组成，或者可以包含热点序列是其一部分的靶多肽较长片段的序列。在一些情况下，靶多肽片段可在肽的N和/或C末端侧翼为不是靶多肽抗原的连续序列的一部分的额外氨基酸。在一些情况下，所述片段在N和/或C末端侧翼是多至30或25或20或15或10，或9或8或7或6或5或4或3或2或1个另外的氨基酸。

[0186] 在一些情况下，本公开的方法可以在反复过程中重复以鉴定模型群体的受试者中满足HLA结合标准的靶多肽抗原的进一步片段。在一些情况下，所述方法可以在本文所述方法的至多50、45、40、35、30、25、20、19、18、17、16、15、14、13、12、11、10、9、8、7、6、5、4、3、2或1个循环中重复。

[0187] 在一些情况下，迭代过程的目的可以是鉴定在模型或意图治疗群体中的最大数量的受试者中诱导期望的T细胞应答(细胞毒性T细胞应答和/或辅助T细胞应答)的肽或热点的最小数量。在这种情况下，期望在进一步的循环中重复该方法之前，从模型群体中去除在任何先前轮中选择的热点或肽已经满足期望标准的那些对象。在一些情况下，迭代方法可以继续，直到不能识别出满足HLA结合标准的更多序列，或者达到预定义的循环数、热点的数目、或模型或意图治疗群体的预定义的最小覆盖范围。

[0188] 在一些情况下，可以将另外的预定义标准应用于热点选择过程。如果特定热点序列不满足这种另外的标准，则热点可以被忽略，并且可以选择模型群体中下一最高数量的受试者的所选窗口长度的并且满足HLA结合标准的另一氨基酸序列，直到达到满足另外的预定标准的序列。在重复过程中，在进行下一个循环之前，模型群体中被选序列满足所有HLA结合标准和其它标准的对象应该从模型群体中被去除。

[0189] 在一个实例中，另外的预定义标准可以涉及影响制造可行性的肽序列的特征。例如，在一些情况下，肽/热点序列可能由于其包含特定氨基酸残基(如半胱氨酸或特定氨基酸基序)，或者如果肽/热点序列具有小于最低水平亲水性而被拒绝。

[0190] 本发明的方法可用于提供可用于诱导针对给定多肽的T细胞应答的肽，或提供一组理想的肽，从所述一组理想的肽中选择一种肽用于诱导针对给定人群的特定受试者中的一种或多种给定多肽的T细胞应答。

[0191] 在其它情况下，可以对一组多肽重复该方法，例如与相同疾病或病症相关的一组多肽，例如由相同病原体或病原体类型表达的多肽，或与相同癌症或癌症类型相关的多肽，例如本文公开的那些。然后，该方法可以提供一组理想的肽，从其中选择肽来治疗给定人群的特定受试者的疾病或病症。

[0192] 肽组

[0193] 在一些情况下，本公开提供肽组或编码肽组的多核酸组或载体组。该组可适用于在意图治疗的人群的受试者中诱导针对一种或多种靶多肽的T细胞应答的方法。意图治疗人群可以是如本文所述的人群，并且可以由如本文所述的意图治疗人群的受试者中的HLA基因型分布来定义。

[0194] 在一些情况下，所述组是根据本文所述的方法设计和/或制备的组。在其它情况下，所述组包含或编码根据本文所述方法设计和/或制备的二种或更多种肽。

[0195] 在其他情况下，所述的组包含或编码二种或更多种肽，其中每种肽包含一种或多种靶多肽的片段，其中该片段在意图治疗群体的高比例中包含满足本文所述的HLA结合标准中的任一个的序列。在一些情况下，“高”百分比可为本文所述的意图治疗群体的至少或大于1％、2％、5％、10％、12％、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％或50％。

[0196] 该组的肽可以具有本文所述肽的任何特征。例如，每个肽的长度可以是9至50个氨基酸；可以包含长度为9至50个氨基酸并满足HLA结合要求的一种或多种靶多肽的片段；靶多肽片段可在肽的N和/或C末端侧翼为不是靶多肽抗原的连续序列的一部分的额外氨基酸；和/或靶多肽可以是本文所述的任何多肽，例如表2至5中列出的任何多肽。

[0197] 在一些情况下，组中的每个肽的靶多肽可以是相同的；即，每种肽包含靶多肽的不同片段，每种片段在高比例的治疗目的群体中满足HLA结合要求。该组然后代表可用于在不同的HLA匹配的受试者中诱导针对相同靶多肽的T细胞应答的肽的选择。在一些情况下，所述组的肽中的靶多肽片段不重叠或不包含任何共同的T细胞表位或PEPI。

[0198] 在其它情况下，所述组可以包含设计用于诱导针对不同靶多肽的T细胞应答的肽，即包含在所述肽中的靶多肽的选定片段来自不同的靶多肽。在一些情况下，所述组包含来自至少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或40种不同靶多肽的此类片段。

[0199] 不同的靶多肽可以是任何不同的多肽，其可用于靶向或可以用本文所述的不同PEPI选择性靶向。在一些情况下，不同的靶多肽抗原是非同源物或非旁系同源物，或者在每个多肽的全长上具有小于95％、或90％、或85％或80％或75％或70％或60％或50％的序列同一性。

[0200] 在一些情况下，由一组肽靶向的不同靶多肽各自由相同疾病、病状、病原体或癌症表达或与其相关，如本文所述的任何疾病、病状、病原体或癌症。这种肽组对于在需要其的受试者中治疗疾病或病症是理想的，特别是如果肽是与本文所述的特定受试者匹配的HLA/PEPI。

[0201] 在一些情况下，一种或多种或每种靶多肽存在于从人受试者获取的样品中。这表明多肽在受试者中表达，例如癌症或肿瘤相关抗原，由受试者的癌细胞表达的TSA或CTA。

[0202] 在一些情况下，1、2、3、4、5、6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24或25种或更多种靶多肽抗原或每种靶多肽抗原是TSA和/或CTA。

[0203] 多肽和患者的选择

[0204] 本文所述的肽可用于在有需要的受试者中诱导T细胞应答或提供疫苗接种或免疫治疗。通常选择多于一种肽用于治疗受试者。每种肽可以基于(i)受试者中待治疗的疾病或病症;和/或(ii)所述受试者的HLA基因型被选择。

[0205] 选择用于治疗受试者的每种肽可以包含如本文所述的靶多肽抗原的片段，所述靶多肽抗原与受试者中待治疗的疾病或病症相关，或由治疗的靶细胞如癌细胞表达。所述疾病或病症和靶多肽抗原可以是本文所述的任何一种。通常，选择用于治疗受试者的每种肽将包含如本文所述的不同靶多肽抗原的片段。靶多肽抗原可以被选择，因为已知它们在受试者中由靶细胞表达。例如，靶多肽抗原可以在从受试者获得的样品中检测，例如肿瘤活检。在其它情况下，靶多肽抗原可以基于它们在治疗靶向的细胞中的表达率来选择，例如特定TAA在癌症或特定类型的癌症中的表达率，如本文所述的任何表达率。通常，选择用于治疗受试者的肽是包含本文所述多肽抗原的片段的那些，所述多肽抗原与待治疗病症的最高表达率的病症相关。此外，如本文进一步描述的，通常预测所述片段在特定受试者中诱导T细胞应答。

[0206] 通常用于疫苗接种和免疫疗法的多肽抗原，特别是衍生自多肽抗原的短肽，仅在一部分人受试者中诱导免疫应答。本公开的肽被特别选择以在高比例的一般群体或高比例的给定意图治疗群体中诱导免疫应答。然而，由于HLA基因型异质性，它们可能对意图治疗的群体的所有个体或所有受试者无效。

[0207] 在一些情况下，本公开提供了预测特定人受试者将对本文所述的任何肽、肽组或药物组合物或试剂盒的施用具有T细胞应答(细胞毒性和/或辅助)的方法。如本文提供的，通常需要个体的多种HLA呈递T细胞表位以触发T细胞应答。对给定多肽的细胞毒性(CD8+)T细胞应答的最佳预测物是存在至少一个T细胞表位，该表位由受试者的至少三个HLA I类等位基因(≥1 PEPI3+)呈递。类似地，由受试者的至少三个或四个HLA II类等位基因呈递的至少一个T细胞表位的存在可预测辅助(CD4+)T细胞应答。如果这种T细胞表位对应于靶多肽抗原的片段，例如本文所述的任何靶多肽抗原，那么预计受试者产生T细胞应答，其靶向受试者中表达靶多肽(如果存在)的细胞。因此，在一些情况下，所述方法可以用于预测受试者中对靶多肽抗原的T细胞应答，如本文所述的任何一种。

[0208] 本发明人进一步发现，在疫苗或免疫治疗组合物中存在至少二个T细胞表位是临床反应的前兆，所述T细胞表位(I)对应于一种或多种靶多肽抗原的片段，并且(ii)可以结合个体的至少三个I类HLA等位基因。例如，如果个体在疫苗或免疫治疗组合物的活性成分肽中具有总计≥2个PEPI3+，并且这些PEPI3+源自事实上由个体中靶细胞表达的多肽抗原(例如，个体的靶肿瘤细胞表达靶肿瘤相关抗原)，则该个体可能是临床反应者(即临床相关的免疫反应者)。

[0209] 本文所用的“临床应答”或“临床益处”可以是预防或延迟疾病或病症的发作，改善一种或多种症状，诱导或延长缓解，或延迟复发或再发或恶化，或受试者疾病状态的任何其他改善或稳定。在适当的情况下，“临床应答”可以与“实体瘤应答评估标准”(RECIST)指南中定义的“疾病控制”或“客观应答”相关。

[0210] 因此,本公开的一些方面涉及预测特定人受试者将对如本文所述的治疗方法或对施用本文所述的药物组合物或药物试剂盒的肽、核酸或载体具有临床响应的方法。

[0211] 在一些情况下,所述方法包括确定用于治疗受试者的活性成分肽包含二种或更多种不同的氨基酸序列,其中每种是a)由受试者的靶细胞表达的靶多肽抗原(例如,已经在活检中检测的多肽抗原)的片段;和b)能够结合受试者的至少三种I类HLA的T细胞表位。

[0212] 在一些情况下,受试者对肽疫苗或免疫疗法组合物如本文所述的那些具有临床应答的可能性可以在不知道靶抗原是否在受试者的靶细胞(如癌症细胞)中表达及/或不确定受试者的HLA I类基因型的情况下确定。疾病中已知的抗原表达频率(如胃癌肿瘤类型中的MAGE-A3)及/或目标群体(例如种族群体、普通群体、患病群体)中受试者的HLA I类和II类基因型的已知频率可以替代地使用。

[0213] 通过(i)在活性成分多肽中呈递更多的多种HLA结合PEPI;(ii)在更多靶多肽抗原中呈递PEPI;和(iii)靶多肽抗原在受试者或受试者的患病细胞中的表达增加了受试者对治疗具有应答的可能性。受试者中靶细胞(过)表达靶多肽抗原的特异性或任何组合的概率可以使用群体表达频率数据(表达率)来确定,例如抗原在胃癌中表达的概率。群体表达频率数据可以涉及受试者及/或疾病匹配的群体或意向治疗的群体。例如,特定癌症相关抗原在特定癌症或患有特定癌症(例如乳腺癌)的受试者中表达的频率或概率可以通过检测肿瘤(例如乳腺癌肿瘤样本)中的抗原来确定。这样的表达频率可以从公开的附图和科学出版物中确定。在一些情况下,本发明的方法可以包括测定相关群体中相关靶多肽抗原的表达频率的步骤。

[0214] 所公开的是预测个体人受试者以及人受试者群体中疫苗的活性/效果的一系列药效学生物标志物。生物标志物已被专门开发用于癌症疫苗,但类似的生物标志物可用于其他疫苗或免疫疗法组合物。示例性生物标志物如下。

[0215] • AG95——疫苗效力:癌症疫苗中特异性肿瘤类型以95%概率表达的抗原数量。AG95是疫苗效力的指标,并且不依赖于疫苗抗原的免疫原性。根据肿瘤抗原表达率数据计算AG95。这些数据可以从在同行评审的科学期刊上发表的实验中获得。技术上,AG95由疫苗中抗原的二项式分布确定,并考虑了所有可能的变化和表达率。

[0216] • PEPI3+计数——受试者中疫苗的免疫原性:疫苗衍生的PEPI3+是与受试者的至少3种HLA结合并诱导T细胞应答的个人表位。可在已知完整4位HLA基因型的受试者中使用PEPI3+测试确定PEPI3+。

[0217] • AP计数——受试者中疫苗的抗原性:具有PEPI3+的疫苗抗原的数量。疫苗含有来自患病细胞表达的靶多肽抗原的序列。AP计数是疫苗中含有PEPI3+的抗原数量,AP计数代表疫苗中可以在受试者中诱导T细胞应答的抗原数量。AP计数表征了受试者的疫苗-抗原特异性T细胞应答,因为其仅依赖于受试者的HLA基因型并且独立于受试者的疾病、年龄和药物治疗。正确的值在0(没有抗原呈递PEPI)和抗原的最大数量(所有抗原均呈递PEPI)之间。

[0218] • AP50——群体中疫苗的抗原性:群体中具有PEPI的疫苗抗原的平均数量。AP50适于在给定群体中表征疫苗-抗原特异性T细胞应答,因为它取决于群体中受试者的HLA基因型。

[0219] • AGP计数——受试者中疫苗的效力:具有PEPI的肿瘤中表达的疫苗抗原的数量。

AGP计数表示疫苗鉴定并诱导T细胞应答(击中靶标)的肿瘤抗原的数量。AGP计数取决于受试者肿瘤中的疫苗-抗原表达率和受试者的HLA基因型。正确的值必须在0(没有表达抗原呈递PEPI)和抗原的最大数量(所有抗原都表达并呈递PEPI)之间。

[0220] • AGP50——群体中的癌症疫苗效力:群体中具有PEPI(即AGP)的指定肿瘤中表达的疫苗抗原的平均数。AGP50表示疫苗诱导的T细胞应答能够鉴定的肿瘤抗原的平均数。AGP50取决于所示肿瘤类型中抗原的表达率和目标群体中抗原的免疫原性。AGP50可评估不同群体中的疫苗效力,并可用于比较相同群体中的不同疫苗。AGP50的计算类似于用于AG50的计算,除了表达通过受试者中表达的疫苗抗原上PEPI3+的出现加权。在每个受试者具有来自每种疫苗抗原的PEPI的理论群体中,AGP50将等于AG50。在另一个理论群体中,其中没有受试者具有来自任何疫苗抗原的PEPI,AGP50将为0。通常,以下陈述有效:0≤AGP50≤AG50。

[0221] • mAGP——用于选择可能应答者的候选生物标志物:癌症疫苗诱导针对在指定肿瘤中表达的多种抗原的T细胞应答的可能性。mAGP由例如肿瘤中疫苗-抗原的表达率和受试者中疫苗衍生的PEPI的呈递率来计算。在技术上,基于AGP分布,mAGP是多个AGP(>2个AGP)的概率之和。

[0222] 上述预测的结果可用于通知医生关于受试者治疗的决定。因此,在一些情况下,本公开的方法预测受试者将具有或可能具有针对如本文所述的治疗的T细胞应答及/或临床应答,并且该方法进一步包括选择用于人受试者的治疗。在一些情况下,如果受试者靶向预定数量的靶多肽抗原(任选地其中靶多肽抗原被(预测)表达)的应答的可能性高于预定阈值,则选择受试者进行治疗。在一些情况下,靶多肽抗原或表位的数量是2。在一些情况下,靶多肽抗原或表位的数量是3、或4、或5、或6、或7、或8、或9、或10。该方法可以进一步包括对人受试者执行该治疗方案。或者,该方法可以预测受试者将不具有免疫应答及/或临床应答,并且进一步包括为受试者选择不同的治疗方案。

[0223] 免疫原性和药物组合物、治疗方法和给药方式

[0224] 在一些方面,本公开涉及包含本文所述的肽、多核酸或载体中的一种或多种的药物组合物或试剂盒。这样的药物组合物或试剂盒可以用于诱导免疫应答、治疗、疫苗接种或向受试者提供免疫治疗的方法中。药物组合物或试剂盒可以是疫苗或免疫治疗组合物或试剂盒。这种治疗可包括向受试者施用药物组合物或试剂盒的肽、多核酸或载体。

[0225] 除了一种或多种肽、核酸或载体之外,本文所述的药物组合物或试剂盒还可包含药学上可接受的赋形剂、载体、稀释剂、缓冲剂、稳定剂、防腐剂、佐剂或本领域技术人员熟知的其他物质。这些物质优选是无毒的,并且优选不干扰活性成分的药物活性。药物载体或稀释剂可以是例如含水溶液。载体或其他物质的确切性质可取决于给药途径,例如口服途径、静脉途径、皮肤或皮下途径、鼻内途径、肌内途径、皮内途径和腹膜内途径。

[0226] 本公开的药物组合物可以包含一种或多种“药学上可接受的载体”。这些载体通常是大的、代谢缓慢的大分子,例如蛋白质、糖、聚乳酸、聚乙醇酸、聚合氨基酸、氨基酸共聚物、蔗糖(Paoletti et al.,2001,Vaccine,19:2118)、海藻糖(WO 00/56365)、乳糖和脂质聚集体(例如油滴或脂质体)。这些载体是本领域普通技术人员公知的。药物组合物还可以含有稀释剂,如水、盐水、甘油等。另外,可以存在辅助物质,例如润湿剂或乳化剂、pH缓冲物质等。无菌无热原的磷酸盐缓冲生理盐水是典型的载体(Gennaro,2000,Remington:The

Science and Practice of Pharmacy,20th edition,ISBN:0683306472)。

[0227] 本公开的药物组合物可以是冻干的或水性形式,即溶液或悬浮液。这种类型的液体制剂允许组合物直接以它们的包装形式给药,而不需要在水性介质中重构,因此是注射的理想选择。药物组合物可以存在于小瓶中,或者它们可以存在于预填充的注射器中。注射器可以带有或不带针头。注射器包括单剂量,而小瓶可包括单剂量或多剂量。

[0228] 本公开的液体制剂还适于从冻干形式重构其他药物。当药物组合物用于这种临时重构时,本公开提供了一种试剂盒,其可以包括二个小瓶,或者可以包括一个预填充的注射器和一个小瓶,注射器的内容物用于在注射之前重构小瓶的内容物。

[0229] 本公开的药物组合物可以包括抗微生物剂,特别是当以多剂量形式包装时。可以使用抗微生物剂,例如2-苯氧基乙醇或对羟基苯甲酸酯(对羟基苯甲酸甲酯、对羟基苯甲酸乙酯、对羟基苯甲酸丙酯)。任何防腐剂优选以低水平存在。防腐剂可以外源加入及/或可以是混合形成组合物的大量抗原的组分(例如作为防腐剂存在于百日咳抗原中)。

[0230] 本公开的药物组合物可以包含洗涤剂,例如,吐温(聚山梨醇酯)、DMSO(二甲基亚砜)、DMF(二甲基甲酰胺)。洗涤剂通常以低水平存在,例如<0.01%,但也可以以更高水平使用,例如0.01-50%。

[0231] 本公开的药物组合物可以包括溶液中的钠盐(例如氯化钠)和游离磷酸根离子(例如通过使用磷酸根缓冲液)。

[0232] 在某些实施例中,可以将药物组合物包封在合适的载体中以将肽递送到抗原呈递细胞中或增加稳定性。如本领域技术人员将理解的,多种载体适用于递送本公开的药物组合物。合适的结构化流体递送系统的非限制性实例可包括纳米颗粒、脂质体、微乳液、胶束、树枝状聚合物和其他含磷脂的系统。将药物组合物掺入递送载体的方法是本领域已知的。

[0233] 为了增加组合物的免疫原性,药物组合物可以包含一种或多种佐剂及/或细胞因子。

[0234] 合适的佐剂包括铝盐如氢氧化铝或磷酸铝,但也可以是钙、铁或锌的盐,或者可以是酰化酪氨酸或酰化糖的不溶性悬浮液,或者可以是阳离子或阴离子衍生的糖、聚磷腈、生物可降解的微球、单磷酰脂质A(MPL)、脂质A衍生物(例如毒性降低)、3-O-脱酰化单磷酰脂质A(3D-MPL)、QuilA、皂苷、QS21、弗氏不完全佐剂(Difco实验室,密歇根州底特律市)、Merck佐剂65(默克公司,新泽西州罗威市)、AS-2(史克必成公司,宾夕法尼亚州费城)、CpG寡核苷酸、生物粘合剂和粘膜粘着剂、微粒、脂质体、聚氧乙烯醚制剂、聚氧乙烯酯制剂、胞壁酰肽或咪唑并喹诺酮化合物(例如咪喹莫特及其同系物)。适合用作本公开的佐剂的人免疫调节剂包括细胞因子,例如白细胞介素(例如IL-1、IL-2、IL-4、IL-5、IL-6、IL-7、IL-12等),巨噬细胞集落刺激因子(M-CSF)、肿瘤坏死因子(TNF)、粒细胞巨噬细胞集落刺激因子(GM-CSF)也可用作佐剂。

[0235] 在一些实施例中,所述组合物包含佐剂,选自由MontanideISA-51(赛比克公司,美国新泽西州费尔菲尔德)、QS-21(安奎拉(Aquila)生物制药公司,美国马萨诸塞州列克星敦)、粒细胞-巨噬细胞集落刺激因子(GM-CSF)、环磷酰胺、卡介苗(BCG)、短小棒状杆菌(corynbacteriumparvum)、左旋咪唑、azimezone、异丙吡酮、二硝基氯苯(DNCB)、匙孔血蓝蛋白(KLH)、弗氏佐剂(完全和不完全)、矿物凝胶、氢氧化铝、溶血卵磷脂、复合多元醇(pluronic polyols)、聚阴离子、油乳剂、二硝基苯酚、白喉毒素(DT)所组成的群组。

[0236] 例如,细胞因子可为选自由,例如但不限于TGF-β和TGF-β的转化生长因子(TGF)、胰岛素样生长因子-I及/或胰岛素样生长因子-II、促红细胞生成素(EPO)、骨诱导因子,例如但不限于干扰素-α、干扰素-β和干扰素-γ的干扰素,例如但不限于巨噬细胞集落刺激因子、粒细胞-巨噬细胞集落刺激因子和粒细胞集落刺激因子的集落刺激因子,所组成的群组。在一些实施例中,细胞因子可为选自由,神经生长因子如NGF-β、血小板生长因子、例如但不限于TGF-α和TGF-β的转化生长因子、胰岛素样生长因子-I和胰岛素样生长因子-II、促红细胞生成素、骨诱导因子,例如但不限于IFN-α、IFN-β和IFN-y的干扰素(IFN),例如巨噬细胞集落刺激因子、粒细胞-巨噬细胞集落刺激因子和粒细胞集落刺激因子的集落刺激因子,例如但不限于IL-1、IL-1α、IL-2、IL-3、IL-4、IL-5、IL-6、IL-7、IL-8、IL-9、IL-10、IL-11、IL-12、IL-13、IL-14、IL-15、IL-16、IL-17、IL-18的白介素(II)、LIF、试剂盒-配体或FLT-3、血管抑素;血小板反应蛋白;内皮抑素;肿瘤坏死因子(TNF),以及LT,所组成的群组。

[0237] 预期佐剂或细胞因子可以以每剂量约0.01mg至约10mg的量加入,优选以每剂量约0.2mg至约5mg的量加入。或者,佐剂或细胞因子的浓度可以是约0.01至50%,优选约2%至30%。

[0238] 在某些方面,本公开的药物组合物通过根据已知技术在适当的无菌条件下将佐剂及/或细胞因子与PEPI物理混合以产生最终产物来制备。

[0239] Esseku&Adeye(2011)和Van den Mooter G(2006)中提供了多肽片段的合适组合物和施用方法的实例。47.疫苗和免疫疗法组合物的制备一般描述于《疫苗设计》("The subunitand adjuvantapproach"(edsPowellM.E&Newman M.J.(1995)Plenum Press New York))中。Fullerton在美国专利4,235,877中描述了脂质体内的包封,这也是可设想的。

[0240] 在一些实施例中,本文公开的组合物被制备为核酸疫苗。在一些实施例中,核酸疫苗是DNA疫苗。在一些实施例中,DNA疫苗或基因疫苗包含具有启动子和合适的转录和翻译控制元件的质粒以及编码本公开的一种或多种多肽的核酸序列。在一些实施例中,质粒还包括增强例如表达水平、细胞内靶向或蛋白酶体加工的序列。在一些实施例中,DNA疫苗包含含有编码本公开的一种或多种多肽的核酸序列的病毒载体。在另外的方面,本文公开的组合物包含一种或多种编码经测定与生物样本具有免疫反应性(immunoreactivity)的肽的核酸。例如,在一些实施例中,组合物包含编码1、2、3、4、5、6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20或更多种肽的一个或多个核苷酸序列,所述肽包含能够结合患者的至少三种HLA I类分子及/或至少三种或四种HLA II类分子的T细胞表位片段。在一些实施例中,肽衍生自在癌症中表达的抗原。在一些实施例中,DNA或基因疫苗还编码免疫调节分子以操纵产生的免疫应答,例如增强疫苗效力、刺激免疫系统或减少免疫抑制。增强DNA或基因疫苗免疫原性的策略包括异种抗原的编码,抗原与激活T细胞或触发缔合识别分子的融合,用DNA载体引发、然后用病毒载体加强,以及免疫调节分子的利用。在一些实施例中,DNA疫苗通过针头、基因枪、气溶胶注射器、贴片、微针、磨擦以及其他形式导入。在一些形式中,将DNA疫苗掺入脂质体或其他形式的纳米抗体中。在一些实施例中,DNA疫苗包括递送系统,选自由转染剂、鱼精蛋白、鱼精蛋白脂质体、多糖颗粒、阳离子纳米乳液、阳离子聚合物、阳离子聚合物脂质体、阳离子纳米颗粒、阳离子脂质和胆固醇纳米颗粒、阳离子脂质、胆固醇和PEG纳米颗粒、树枝状聚合物纳米颗粒所组成的群组。在一些实施例中,DNA疫苗通过吸入或摄取施用。在一些实施例中,将DNA疫苗导入血液、胸腺、胰腺、皮肤、肌肉、肿瘤或其他部位。

[0241] 在一些实施例中，本文公开的组合物被制备为RNA疫苗。在一些实施例中，RNA是非复制mRNA或病毒来源的自扩增RNA。在一些实施例中，非复制mRNA编码本文公开的肽，并含有5′和3′非翻译区(UTR)。在一些实施例中，病毒来源的自扩增RNA不仅编码本文公开的肽，而且编码能够进行细胞内RNA扩增和大量蛋白质表达的病毒复制机制。在一些实施例中，将RNA直接导入个体。在一些实施例中，RNA在体外化学合成或转录。在一些实施例中，使用T7、T3或Sp6噬菌体RNA聚合酶从线性DNA模板产生mRNA，所得产物含有编码本文公开的肽的可读框、侧翼UTR、5′帽和poly(A)尾。在一些实施例中，使用痘苗病毒加帽酶或通过掺入合成帽或抗逆转录帽类似物，在转录反应期间或之后添加各种形式的5′帽。在一些实施例中，将poly(A)尾的最佳长度直接从编码DNA模板或通过使用poly(A)聚合酶添加到mRNA中。RNA可以编码一种或多种肽，所述肽包含能够结合患者的至少三种HLA I类分子及/或至少三种或四种HLA II类分子的T细胞表位的片段。在一些实施例中，所述片段衍生自在癌症中表达的抗原。在一些实施例中，RNA包括增强稳定性和翻译的信号。在一些实施例中，RNA还包括增加半衰期的非天然核苷酸或改变免疫刺激谱的修饰核苷。在一些实施例中，RNA通过针头、基因枪、气溶胶注射器、贴片、微针、磨擦以及其他形式导入。在一些形式中，将RNA疫苗掺入脂质体或其他形式的纳米抗体中，所述纳米抗体促进RNA的细胞摄取并保护其免于降解。在一些实施例中，RNA疫苗包括递送系统，选自由转染剂、鱼精蛋白、鱼精蛋白脂质体、多糖颗粒、阳离子纳米乳液、阳离子聚合物、阳离子聚合物脂质体、阳离子纳米颗粒、阳离子脂质和胆固醇纳米颗粒、阳离子脂质、胆固醇和PEG纳米颗粒、树枝状聚合物纳米颗粒，及/或裸mRNA、体内电穿孔的裸mRNA、鱼精蛋白复合mRNA、与带正电荷的水包油阳离子纳米乳液相关的mRNA、与化学修饰的树枝状聚合物缔合并与聚乙二醇(PEG)-脂质复合的mRNA、PEG-脂质纳米颗粒中的鱼精蛋白复合的mRNA、与阳离子聚合物例如聚乙烯亚胺(PEI)缔合的mRNA、与阳离子聚合物如PEI和脂质组分缔合的mRNA、与多糖(例如壳聚糖)颗粒或凝胶缔合的mRNA、阳离子脂质纳米颗粒(例如，1,2-二油酰氧基-3-三甲基铵丙烷(DOTAP)或二油酰磷脂酰乙醇胺(DOPE)脂质)中的mRNA、与阳离子脂质和胆固醇复合的mRNA，或与阳离子脂质/胆固醇和PEG-脂质复合的mRNA所组成的群组。在一些实施例中，RNA疫苗通过吸入或摄取施用。在一些实施例中，将RNA导入血液、胸腺、胰腺、皮肤、肌肉、肿瘤或其他部位，及/或通过皮内、肌内、皮下、鼻内、结节内、静脉内、脾内、肿瘤内或其他递送途径。

[0242] 多核苷酸或寡核苷酸组分可以是裸核苷酸序列或与阳离子脂质、聚合物或靶向系统组合。它们可以通过任何可用的技术递送。例如，多核苷酸或寡核苷酸可以通过针注射导入，优选皮内、皮下或肌内。或者，可以使用递送装置如颗粒介导的基因递送将多核苷酸或寡核苷酸直接递送穿过皮肤。多核苷酸或寡核苷酸可以局部施用于皮肤或粘膜表面，例如通过鼻内、口服或直肠内施用。

[0243] 多核苷酸或寡核苷酸构建体的摄取可以通过几种已知的转染技术增强，例如那些包括使用转染剂的技术。这些试剂的实例包括阳离子试剂，例如磷酸钙和DEAE-葡聚糖以及脂质转染剂，例如lipofectam和transfectam。可以改变施用的多核苷酸或寡核苷酸的剂量。

[0244] 施用通常为“预防有效量”或“治疗有效量”(视情况而定，尽管预防可被视为治疗)，这足以导致临床应答或对个体显示临床益处，例如预防或延迟疾病或病症发作、改善一种或多种症状、诱导或延长缓解或延迟复发或再发的有效量。

[0245] 剂量可以根据各种参数,特别是根据所使用的物质,待治疗个体的年龄、体重和状况,给药途径,以及所需的方案来确定。选择各剂量中抗原的量作为诱导免疫应答的量。医生能够确定任何特定个体所需的给药途径和剂量。剂量可以作为单剂量提供或可以作为多剂量提供,例如以规则的间隔服用,例如每小时施用2、3或4剂。通常,肽、多核苷酸或寡核苷酸通常在1pg至1mg,更通常1pg至10μg的范围内施用用于颗粒介导的递送,以及在1μg至1mg,更通常1μg至100μg,更通常5μg至50μg的范围内施用用于其他途径。通常,预期每种剂量将包含0.01mg至3mg抗原。特定疫苗的最佳量可以通过涉及观察受试者中免疫应答的研究来确定。

[0246] 上述技术和方案的实例可见于Remington's Pharmaceutical Sciences,20th Edition,2000,pub.Lippincott,Williams&Wilkins。

[0247] 在一些情况下,治疗方法可包括向受试者施用一种以上的肽、多核酸或载体。这些可以一起/同时及/或在不同时间或顺序给药。使用任选靶向不同抗原的不同肽的组合对于克服肿瘤遗传异质性和个体HLA异质性的挑战可能是重要的。本公开的肽的组合使用扩展了可以从疫苗接种中体验临床益处的个体组。被制造用于一种方案的多种PEPI的药物组合物可以定义药物产品。在一些情况下,可以在例如1年、或6个月、或3个月、或60或50或40或30天的时间段内向受试者施用单次治疗的不同的肽、多核酸或载体。

[0248] 给药途径包括但不限于鼻内、口服、皮下、皮内和肌内。特别优选皮下给药。皮下给药可以例如通过注射到腹部、上臂或大腿的侧面和前面、背部的肩胛区域或上腹部臀肌区域。

[0249] 本公开的组合物还可以以一种或多种剂量以及通过其他施用途径施用。例如,这些其他途径包括皮内、静脉内、血管内、动脉内、腹膜内、鞘内、气管内、心内、叶内、髓内、肺内和阴道内。根据的治疗期望持续时间,根据本公开的组合物可以一次或多次给药,也可以间歇给药,例如每月给药数月或数年,并且以不同的剂量给药。

[0250] 用于口服给药的固体剂型包括胶囊、片剂、囊片、丸剂、粉剂、微丸剂和颗粒剂。在这样的固体剂型中,活性成分通常与一种或多种药学上可接受的赋形剂组合,其实例在上面详述。口服制剂也可以作为水性混悬剂、酏剂或糖浆剂给药。为此,活性成分可以与各种甜味剂或调味剂、着色剂和如果需要的乳化剂及/或悬浮剂,以及稀释剂如水、乙醇、甘油及其组合结合。

[0251] 可单独或与其他药理学组合物或治疗(例如化学疗法及/或免疫疗法及/或疫苗)组合施用本发明的一种或多种组合物,或可进行根据本发明的治疗方法和用途。其他治疗组合物或治疗可以是例如本文所讨论的那些中的一种或多种,并且可以与本公开的组合物或治疗同时或相继(之前或之后)施用。

[0252] 在一些情况下,所述治疗可以与检查点阻断疗法/检查点抑制剂、共刺激抗体、细胞毒性或非细胞毒性化疗及/或放疗、靶向疗法或单克隆抗体疗法联合施用。已经证明化疗使肿瘤对疫苗接种诱导的特异性细胞毒性T细胞杀死致敏(Ramakrishnan et al.JClinInvest.2010;120(4):1111-1124)。化疗剂的实例包括烷化剂,包括氮芥类,例如二氯甲基二乙胺(HN2)、环磷酰胺、异环磷酰胺、美法仑(L-肌氨酸蛋白酶)和苯丁酸氮芥;蒽环类药物;埃博霉素;亚硝基脲类,例如卡莫司汀(BCNU)、洛莫司汀(CCNU)、司莫司汀(甲基CCNU)和链脲霉素(链脲佐菌素);三氮烯类,例如达卡巴嗪(DTIC);二甲基三氮烯咪唑甲酰

胺;乙撑亚胺类/甲基三聚氰胺类,例如六甲基三聚氰胺、塞替哌;烷基磺酸盐,例如白消安;抗代谢物,包括叶酸类似物如甲氨蝶呤(氨甲蝶呤);烷基化剂、抗代谢物、嘧啶类似物如氟尿嘧啶(5-氟尿嘧啶;5-FU),氟尿苷(氟脱氧尿苷;FUdR)和阿糖胞苷(胞嘧啶阿拉伯糖苷);嘌呤类似物和相关抑制剂,例如巯基嘌呤(6-巯基嘌呤;6-MP),硫鸟嘌呤(6-硫鸟嘌呤;TG)和喷司他丁(2′-脱氧助间型霉素);表鬼臼毒素类;酶类如L-天冬酰胺酶;生物反应调节剂,例如IFNα、IL-2、G-CSF和GM-CSF;铂配位络合物如顺铂(cis-DDP)、奥沙利铂和卡铂;蒽二酮类,例如米托蒽醌和蒽环霉素;取代的脲如羟基脲;甲基肼衍生物,包括甲基苄肼(N-甲基肼,MIH)和甲基苄肼;肾上腺皮质抑制剂,例如米托坦(o,p′-DDD)和氨鲁米特;紫杉醇和类似物/衍生物;激素/激素疗法和激动剂/拮抗剂,包括肾上腺皮质类固醇拮抗剂如泼尼松及其等效物、地塞米松和氨鲁米特,孕激素如己酸羟孕酮、醋酸甲羟孕酮和醋酸甲地孕酮,雌激素如己烯雌酚和炔雌醇等效物,抗雌激素如他莫昔芬,雄激素包括丙酸睾酮和氟甲睾酮/等效物,抗雄激素如氟他胺、促性腺激素释放激素类似物和亮丙瑞林,以及非甾体抗雄激素如氟他胺;天然产物包括长春花生物碱如长春碱(VLB)和长春新碱,表鬼臼毒素类如依托泊苷和替尼泊苷,抗生素类如更生霉素(放线菌素D)、柔红霉素(道诺霉素;红比霉素)、阿霉素、博来霉素、普卡霉素(光神霉素)和丝裂霉素(丝裂霉素C),酶类如L-天冬酰胺酶,以及生物反应调节剂如干扰素alphenome。

[0253] 在一些情况下,治疗方法是疫苗接种的方法或提供免疫疗法的方法。如本文所用,“免疫疗法”是通过在个体中诱导或增强免疫应答来治疗疾病或病症。在某些实施例中,免疫疗法是指包括向个体施用一种或多种药物以引起T细胞应答的疗法。在一个具体的实施例中,免疫疗法是指一种疗法,其包括对个体施用或表达含有一种或多种PEPI的多肽,以引起T细胞应答,从而鉴定并杀死在其细胞表面上展示与I类HLA结合的一种或多种PEPI的细胞。在另一个具体的实施例中,免疫疗法包括向个体施用一种或多种PEPI以引起针对细胞的细胞毒性T细胞应答,这些细胞在细胞其表面上展示包含一种或多种PEPI的肿瘤相关抗原(TAA),肿瘤特异性抗原(TSA)或癌睾丸抗原(CTA)。在另一个实施例中,免疫疗法是指一种疗法,其包括向个体施用或表达含有一种或多种II类HLA呈递的PEPI的多肽,以引起辅助性T细胞应答,从而向鉴定并杀死患病细胞的细胞毒性T细胞提供共刺激,这些患病细胞在其细胞表面上展示与I类HLA结合的一种或多种PEPI。在另一个具体的实施例中,免疫疗法是指一种疗法,其包括向个体施用再激活现有的T细胞以杀死靶细胞的一种或多种药物。该理论是细胞毒性T细胞应答将消除展示一种或多种PEPI的细胞,从而改善个体的临床状况。在一些情况下,免疫疗法可用于治疗肿瘤。在其他情况下,免疫疗法可用于治疗基于细胞内病原体的疾病或病症。

[0254] 在一些情况下,本公开涉及癌症或本文所述的任何特定类型的癌症的治疗。在一些其他情况下,本公开涉及治疗病毒、细菌、真菌或寄生虫感染,或可通过免疫疗法治疗的任何其他疾病或病症。

[0255] 本公开的进一步实施例

[0256] 1.一种药物组合物,包含二种或更多种不同的肽,其中每种肽的长度为多至50个氨基酸,并且包含SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931中的任意氨基酸序列。

[0257] 2.如第1项所述的药物组合物,包含至少3种、至少4种、至少、至少5种、至少6种、至少7种、至少8种、至少9种、至少10种、至少11种或至少12种不同的肽,其中每种肽的长度为

多至50个氨基酸，并且包含SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931中的任意氨基酸序列。

[0258] 3.一种药物组合物，包含一种或多种多核酸或载体所述多核酸或载体编码二或更多种肽，其中每种肽的长度多至50个氨基酸，并且包含SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931中的任意氨基酸序列。

[0259] 4.如第2项所述的药物组合物，包含至少2种、至少3种、至少4种、至少5、至少6、至少7、至少8、至少9、至少10、至少11或至少12个多核酸或载体。

[0260] 5.如第1项或第3项所述的药物组合物，其中每个肽或编码的肽包含至少一个选自以下组之一的氨基酸序列：

[0261] (a)表25A和/或25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出乳腺癌相关抗原的片段的序列；

[0262] (b)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出肺癌相关抗原的片段的序列；

[0263] (c)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出前列腺癌相关抗原的片段的序列；

[0264] (d)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出结直肠癌相关抗原的片段的序列；

[0265] (e)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出膀胱癌相关抗原的片段的序列；

[0266] (f)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出卵巢癌相关抗原的片段的序列；

[0267] (g)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出胰腺癌相关抗原的片段的序列；

[0268] (h)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出脑癌相关抗原的片段的序列；

[0269] (i)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出白血病相关抗原的片段的序列；

[0270] (j)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出淋巴瘤相关抗原的片段的序列；

[0271] (k)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出肝细胞癌相关抗原的片段的序列；

[0272] (l)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出黑素瘤相关抗原的片段的序列；

[0273] (m)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出甲状腺癌相关抗原的片段的序列；

[0274] (n)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出儿科癌症相关抗原的片段的序列；

[0275] (o)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出胃癌相关抗原的片段的序列；

[0276] (p)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出肾癌相关抗原

的片段的序列；

[0277] (q)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出头颈癌相关抗原的片段的序列；以及

[0278] (r)表25A和/或表25B中列出且在表25A或25B中指示为表24中列出宫颈癌相关抗原的片段的序列。

[0279] 6.根据第1至5项中任一项所述的药物组合物，还包含药学上可接受的佐剂、稀释剂、载体、防腐剂或其组合。

[0280] 7.一种试剂盒，包含：

[0281] a.包含一种或多种肽的第一药物组合物，其中每种肽包含SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931中任一的不同的氨基酸序列；以及

[0282] b.包含一种或多种肽的不同的第二药物组合物，其中每种肽包含SEQ ID NO:1至2786和/或5432至5931中任一的不同的氨基酸序列。

[0283] 8.如第7项所述的试剂盒，更包括说明书。

[0284] 9.一种在目标群体的受试者中诱导细胞毒性T细胞应答和/或辅助T细胞应答的方法，所述方法包括施用根据第1至7项中任一项所述的药物组合物。

[0285] 10.如第9项所述的方法，更包括在所述施用步骤之前，确定所述受试者是否可能对所述药物组合物的施用具有临床反应，通过

[0286] a.确定药物组合物的每种肽或编码的肽，包含能够结合受试者的至少三种HLAI类分子的T细胞表位的至少一种氨基酸序列；以及

[0287] b.预测受试者将对药物组合物的每种肽、每种编码的肽、多核酸或载体具有细胞毒性T细胞应答。

[0288] 11.一种在受试者中接种疫苗、提供免疫疗法或诱导细胞毒性T细胞应答的方法，所述方法包括向所述受试者施用根据第1如6项任一所述的药物组合物。

[0289] 12.如第11项所述的方法，其中所述药物组合物的肽、多核酸或载体使用以下方法已被预测在所述受试者中诱导细胞毒性T细胞应答和/或辅助T细胞应答，包括：

[0290] a.确定药物组合物的每种肽或编码的肽，包含能够结合受试者的至少三种HLA I类分子的T细胞表位的至少一种氨基酸序列；以及

[0291] b.预测受试者将对药物组合物的每种肽、编码的肽、多核酸或载体具有细胞毒性T细胞应答。

[0292] 13.根据第12项所述的方法，其中所述药物组合物的肽或编码肽是选自表22中所列癌症相关抗原中的二种或更多种的片段。

[0293] 14.根据第9至14项中任一项所述的方法，其为治疗癌症的方法，任选地膀胱癌、脑癌、乳腺癌、结肠直肠癌、胃癌、肝细胞癌、白血病、肺癌、淋巴瘤、黑素瘤、卵巢癌、胰腺癌、小儿癌、甲状腺癌或前列腺癌。

[0294] 15.一种设计或制备用于诱导针对靶多肽的T细胞应答的方法中的肽、或编码肽的多核酸或载体、或肽组、或编码肽组的一种或多种多核酸或载体的方法，所述方法包括

[0295] (i)选择或定义包含多个受试者的模型人类群体，每个受试者由HLA I类基因型及/或HLA II类基因型定义；

[0296] (ii)对于所述模型群体的每个受试者鉴定：

[0297] (a)所述靶多肽的氨基酸序列,所述氨基酸序列是能够结合所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位;

[0298] (b)所述靶多肽的氨基酸序列,所述氨基酸序列是能够结合所述受试者的至少四个HLA II类分子的T细胞表位;

[0299] (c)所述靶多肽的氨基酸序列,所述氨基酸序列包含能够结合至所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位和能够结合至所述受试者的至少四个HLA II类分子的T细胞表位;或

[0300] (d)所述靶多肽的氨基酸序列,所述靶多肽既

[0301] a.是能够结合至少四种HLA II类分子的T细胞表位;也

[0302] b.包含能够结合受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位的氨基酸序列;

[0303] (iii)选择9至50个氨基酸的多肽片段窗口长度;

[0304] (iv)鉴定靶多肽的片段

[0305] (a)具有在步骤(iii)中选择的长度;且

[0306] (b)包含在步骤(ii)(a)至(d)的任一步骤中在所述模型群体中最高比例受试者中鉴定的氨基酸序列;

[0307] (v)任选地,针对另外的预定义标准,测试步骤(iv)中鉴定的片段,如果不满足另外的预定义标准,则拒绝该片段,并重复步骤(iv)以鉴定靶多肽的替代片段,所述靶多肽

[0308] (a)具有在步骤(iii)中选择的长度;且

[0309] (b)包含在步骤(iv)中在所述模型群体中次高比例的受试者中鉴定的氨基酸序列;

[0310] (vi)任选地在一个或多个另外的轮次中重复步骤(iv)和另外任选地步骤(v),其中在每个轮次中鉴定靶多肽的另外的片段,并且其中如果在步骤(iv)中选择的并且在任何先前轮次的步骤(v)中未被拒绝的任何片段包含在步骤(ii)中为该受试者鉴定的氨基酸序列,则在每个轮次中将受试者从模型群体中排除;以及

[0311] (vii)设计或制备肽、编码肽的多核酸或载体、肽组、或编码肽组的一种或多种多核酸或载体,其中每个肽包含步骤(iv)、(v)或(vi)中鉴定的一个或多个靶多肽片段,任选地,其中所述多肽片段在N和/或C末端侧翼是非靶多肽抗原序列的一部分的另外的氨基酸。

[0312] 16.根据第15项所述的方法,其中靶多肽由病原生物、病毒或癌细胞,或是癌症睾丸抗原,来表达,任选地其中所述靶多肽选自表2至5中任一个所列的抗原。

[0313] 17.根据第15或16项所述的方法,还包括选择二个更多个根据第15或16项的方法设计或制备的肽、多核酸或载体,其用于在受试者中接种疫苗、提供免疫疗法或诱导细胞毒性和/或辅助T细胞应答的方法中,任选地其中二种或更多种肽或编码的肽中的每一种包含氨基酸序列,所述氨基酸序列是

[0314] (a)由病原生物、病毒或癌细胞表达的多肽的片段;以及

[0315] (b)能够结合所述受试者的至少三种HLA I类分子的T细胞表位或能够结合所述受试者的至少四种HLA II类分子的T细胞表位;

[0316] 并且其中所述方法还包括向所述受试者施用所述一种或多种肽、多核酸或载体。

[0317] 18.一种药物组合物,包含肽组、多核酸或根据第15或16项的方法设计和/或制备的载体,或包含或编码根据第15或16项的方法设计和/或制备的二种或更多种肽的载体。

[0318] 19.一种包含肽组或编码肽组的一种或多种多核酸或载体的药物组合物,其用于在目标人群的受试者中诱导针对一种或多种靶多肽的T细胞应答的方法中,其中所述肽或编码的肽中的每一种包含氨基酸序列,所述氨基酸序列是

[0319] (a)长度为9至50个氨基酸;以及

[0320] (b)包含所述一种或多种靶多肽的片段,其中在所述意图治疗的人类群体的受试者的至少10%中,所述片段包含:

[0321] a.所述靶多肽的氨基酸序列,所述靶多肽是能够结合所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位;

[0322] b.所述靶多肽的氨基酸序列,所述靶多肽是能够结合所述受试者的至少四个HLA II类分子的T细胞表位;

[0323] c.所述靶多肽的氨基酸序列,所述氨基酸序列包含能够结合至所述受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位和能够结合至所述受试者的至少四个HLA II类分子的T细胞表位;或

[0324] d.所述靶多肽的氨基酸序列,所述靶多肽既

[0325] i.是能够结合至少四个HLA II类分子的T细胞表位;也

[0326] ii包含能够结合受试者的至少三个HLA I类分子的T细胞表位的氨基酸序列。

[0327] 20.根据第18或19项所述的药物组合物,还包含药学上可接受的佐剂、稀释剂、载体、防腐剂或其组合。

[0328] 21.一种在受试者中接种疫苗、提供免疫疗法或诱导细胞毒性T细胞应答的方法,所述方法包括向所述受试者施用根据第18-20项任意所述的药物组合物。

[0329] 22.根据第21项所述的方法,其中所述药物组合物的肽或其编码的肽中的一种或多种或每一种包含氨基酸序列,所述氨基酸序列是

[0330] (a)由病原生物、病毒或癌细胞表达的多肽的片段;以及

[0331] (b)能够结合所述受试者的至少三种I类HLA分子的T细胞表位,或能够结合所述受试者的至少四种II类HLA分子的T细胞表位。

[0332] 实例

[0333] 实例1HLA表位结合预测方法和验证

[0334] 特定HLA和表位(9mer肽)之间结合的预测是基于用于表位预测的免疫表位数据库工具(www.iedb.org)。

[0335] 通过与实验室实验测定的HLA I表位对的比较,验证了HLA I表位结合预测过程。将在同行评审的出版物或公共免疫学数据库中报告的HLA I表位对的数据集进行汇编。

[0336] 测定了与实验测定的数据集(表6)的一致率。以93%的概率正确预测数据集的结合HLA I表位对。巧合的是,非结合HLA I表位对也被正确预测,概率为93%

[0337] 表6 HLA表位结合预测方法的分析特异性和灵敏度

[0338]

HLA表位对	*有效表位（n = 327）（结合匹配）*	*无效表位（n = 100）（非结合匹配）*
HIV	91% (32)	82% (14)
病毒	100% (35)	100% (11)
肿瘤	90% (172)	94% (32)
其他（真菌、细菌等）	100% (65)	95% (36)
全部	*93% (304)*	*93% (93)*

[0339] 还确定了预测多个HLA结合表位的准确性(表7)。基于使用真阳性和真阴性预测的93％概率和假阳性和假阴性预测的7％(＝100％-93％)概率的分析特异性和灵敏度,可以计算人体内存在多种HLA结合表位的概率。多种HLA与表位结合的概率显示了HLA结合表位的数量与预期的最小实际结合数量之间的关系。根据PEPI定义,3是结合表位的HLA的预期最小数值(粗体)。

[0340] 表7多种HLA结合表位预测准确性

[0341]

预期的实际HLA结合的最小数量	预测的HLA结合表位的数量						
	0	1	2	3	4	5	6
1	35%	95%	100%	100%	100%	100%	100%
2	6%	29%	90%	99%	100%	100%	100%
3	1%	4%	22%	84%	98%	100%	100%
4	0%	0%	2%	16%	78%	96%	99%
5	0%	0%	0%	1%	10%	71%	94%
6	0%	0%	0%	0%	0%	5%	65%

[0342] 验证的HLA表位结合预测方法用于确定下面实例中描述的所有HLA表位结合对。

[0343] 实例2多HLA的表位呈递预测细胞毒性T淋巴细胞(CTL)应答

[0344] 本研究调查了个体的一个或多个HLA I类分子对多肽抗原的一个或多个表位的呈递是否预示着CTL应答。

[0345] 通过对71例癌症患者和9例HIV感染患者(表8)进行的6项临床试验的回顾性分析进行研究。来自用HPV疫苗、三种不同的NY-ESO-1特异性癌症疫苗、一种HIV-1疫苗和一种CTLA-4特异性单克隆抗体伊匹单抗(Ipilimmab)治疗这些研究的患者,该抗体显示在黑色素瘤患者中重新激活针对NY-ESO-1抗原的CTL。所有这些临床试验在疫苗接种后测量研究受试者中的抗原特异性CD8+CTL应答(免疫原性)。在一些情况下,报告了CTL应答与临床应答之间的相关性。

[0346] 没有患者因除数据可用性之外的任何原因被排除在回顾性研究之外。157例患者数据集(表8)用标准随机数发生器随机化以创建用于训练和评估研究的二个独立组群。在一些情况下,该组群包含来自同一患者的多个数据集,导致来自48例患者的76个数据集的训练组群和来自51例患者的81个数据集的测试/验证组群。

[0347] 表8患者数据集总结

[0348]

临床试验	免疫疗法	靶抗原	疾病	患者数*	数据集数（抗原数×患者数）	临床试验中进行的免疫分析**	HLA基因分型方法
1	VGX-3100	HPV16-E6 HPV16-E7 HPV18-E6 HPV18-E7 HPV16/18	宫颈癌	17/18	5 x 17	IFN-γ ELISPOT	高分辨率SBT
2	HIVIS疫苗	HIV-1 Gag HIV-1 RT	AIDS	9/12	2 × 9	IFN-γ ELISPOT	低中等分辨率SSO
3	rNY-ESO-1	NY-ESO-1	乳腺癌和卵巢癌，黑色素瘤和肉瘤	18/18	1 x 18	体外和离体IFN-γ ELISPOT	高分辨率SBT
4	伊匹单抗	NY-ESO-1	转移性黑色素瘤	19/20	1 x 19	T细胞刺激后的ICS	低至中分辨率分型，基因组DNA的SSP，高分辨率测序
5	NY-ESO-1f	NY-ESO-1 (91-110)	食管癌、非小细胞肺癌和胃癌	10/10	1 x 10	T细胞刺激后的ICS	SSO探测和基因组DNA的SSP

[0349]

6	NY-ESO-1重叠肽	NY-ESO-1 (79-173)	食道癌、肺癌和恶性黑色素瘤	7/9	1 x 7	T细胞刺激后的ICS	SSO探测和基因组DNA的SSP
合计	6	7		80	157		

[0350] 将所报告的训练数据集的CD8+T应答与疫苗抗原表位(9mer)的HLA I类限制性图谱进行比较。从公众可获得的蛋白质序列数据库或同行评审的出版物获得每个患者的抗原序列和HLA I类基因型，HLA I表位结合预测方法对患者的临床CD8+T细胞应答数据不知情，其中CD8+T细胞是产生IFN-γ的特异性针对疫苗肽的CTL(9mer)。确定预测与每位患者的至少1种(PEPI1+)、或至少2种(PEPI2+)、或至少3种(PEPI3+)、或至少4种(PEPI4+)、或至少5种(PEPI5+)、或所有6种(PEPI6+)HLA I类分子结合的每种抗原的表位数量，并将HLA结合的数量用作报告的CTL应答的分类器。从训练数据集中分别确定每个分类器的真阳性率(灵敏度)和真阴性率(特异性)(HLA结合的数量)。

[0351] 对每个分类器进行ROC分析。在ROC曲线中，将不同截止点的真阳性率(灵敏度)绘制成假阳性率(1-特异度)的函数(图1)。ROC曲线上的每个点代表对应于特定判定阈值(表位(PEPI)计数)的灵敏度/特异性对。ROC曲线下的面积(AUC)是分类器能够在二个诊断组(CTL应答者或非应答者)间区分程度的量度。

[0352] 该分析意外地揭示了由受试者的多种I类HLA预测的表位呈递(PEPI2+、PEPI3+、PEPI4+、PEPI5+或PEPI6)在每种情况下都比仅仅一种或多种HLA I类分子的表位呈递更好地预测CD8+T细胞应答或CTL应答(PEPI1+，AUC＝0.48，表9)。

[0353] 表9通过ROC分析确定PEPI生物标志物的诊断价值

[0354]

分类器	AUC
PEPI1+	0.48
PEPI2+	0.51
PEPI3+	0.65
PEPI4+	0.52
PEPI5+	0.5
PEPI6+	0.5

[0355] 通过考虑可由个体的至少3种HLA I类等位基因呈递的抗原表位，最佳地预测个体的CTL应答(PEPI3+，AUC＝0.65，表9)。最佳预测阳性CTL应答的PEPI3+(由个体的3种或更多种HLA呈递的抗原特异性表位的数量)的阈值计数是1(表10)。换句话说，受试者的至少3种HLA I类分子(≥1 PEPI3+)呈递至少一种抗原衍生的表位，然后该抗原可以触发至少一种CTL克隆，并且受试者是可能的CTL应答者。使用≥1 PEPI3+阈值预测可能的CTL应答者(“≥1 PEPI3+检验”)提供了76％的真阳性率(诊断灵敏度)(表10)。

[0356] 表10确定≥1 PEPI3+阈值以预测训练数据集中可能的CTL应答者

[0357]

	PEPI3+计数											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
灵敏度	**0.76**	0.60	0.31	0.26	0.14	0.02	0	0	0	0	0	0
1－特异性：	**0.59**	0.24	0.21	0.15	0.09	0.06	0.06	0.03	0.03	0.03	0.03	0.03

[0358] 实例3≥1 PEPI3+阈值作为PEPI检验的新生物标志物的回顾性验证

[0359] 在回顾性分析中，来自51例患者的81个数据集的测试组群用于验证≥1 PEPI3+阈值以预测抗原特异性CD8+T细胞或CTL应答。对于测试组群中的每个数据集，确定是否满足≥1 PEPI3+阈值(由个体的至少三种I类HLA呈递的至少一个抗原衍生表位)。将其与临床试验报告的实验测定的CD8+T细胞应答(CTL应答)进行比较(表11)。

[0360] 回顾性验证证明PEPI3+肽在个体中以84％的概率诱导CD8+T细胞应答(CTL应答)。84％是在PEPI3+预测的分析验证中确定的相同值，预测中表位与个体的至少3种HLA结合(表7)。这些数据提供了个体中PEPI诱导免疫应答的有力证据。

[0361] 表11诊断性能特征≥1 PEPI3+测试(n＝81)

[0362]

性能特征		描述	结果
阳性预测值（PPV）	100%[A / (A + B)]	用免疫疗法治疗后，达到≥1 PEPI3+阈值的个体具有抗原特异性CTL应答的可能性。	*84%*
灵敏度	100%[A / (A + C)]	用免疫疗法治疗后，达到≥1 PEPI3+阈值的受试者具有抗原特异性CTL应答的比例	*75%*
灵敏度	100%[D / (B + D)]	用免疫疗法治疗后，未达到≥1 PEPI3+阈值的受试者不具有抗原特异性CTL应答的比例。	*55%*
阴性预测值（NPV）	100%[D / (C + D)]	用免疫疗法治疗后，未达到≥1 PEPI3+阈值的个体不具有抗原特异性CTL应答的可能性。	*42%*
整体百分比协议总百分比（OPA）	100%[(A + D) / N]	基于≥ 1 PEPI3+阈值与实验结果的阳性或阴性结果皆相匹配的预测百分比	*70%*
Fisher确切概率（p）			*0.01*

[0363] ROC分析使用PEPI3+计数作为临界值确定诊断准确度(图2)。AUC值＝0.73。对于ROC分析,AUC为0.7至0.8通常被认为是合理的诊断值。

[0364] 至少为1(≥1 PEPI3+)的PEPI3+计数最佳地预测了测试数据集中的CTL应答(表12)。该结果证实了在训练期间确定的阈值(表9)。

[0365] 表12确认≥1 PEPI3+阈值以预测测试/验证数据集中可能的CTL应答者。

[0366]

	PEPI3+计数											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
灵敏度	**0.75**	0.52	0.26	0.23	0.15	0.13	0.08	0.05	0	0	0	0
1-特异度：	**0.45**	0.15	0.05	0	0	0	0	0	0	0	0	0

[0367] 实例4 PEPI3+阈值作为PEPI检验的新生物标志物的临床验证

[0368] 基于PEPI3+生物标志物的疫苗设计已经在OBERTOI/II期临床试验(NCT03391232)中,在转移性结肠直肠癌(mCRC)患者的I期临床试验中第一次被测试。在本研究中,我们评估了作为mCRC患者维持治疗的附加措施的单剂量或多剂量PolyPEPI1018的安全性、耐受性和免疫原性。PolyPEPI1018是含有12个独特表位的肽疫苗,所述表位来自经常在mCRC中表达的7个保守TSA(WO2018158455A1)。这些表位被设计成结合至少三个自体HLA等位基因,所述HLA等位基因比由单个HLA呈递的表位更可能诱导T细胞应答(参见实施例2和3)。一线环境中的mCRC患者在刚过渡到用氟嘧啶和贝伐单抗维持治疗后接受疫苗(剂量:0.2mg/肽)。疫苗特异性T细胞应答首先通过计算机中PEPI3+的鉴定(使用患者的完整HLA基因型和CRC特异性的抗原表达率)预测,然后在一个接种循环(试验的I期部分)后通过ELISpot测量。

[0369] 来自10名患者(1期组群和OBERTO试验数据集)的七十个数据集用于前瞻性验证PEPI3+生物标志预测抗原特异性CTL应答。对于每个数据集,在计算机上测定预测的PEPI3+-s,并与通过ELISPOT试验从患者血液测量的疫苗特异性免疫应答比较。然后将以这种方式确定的诊断特征(阳性预测值、阴性预测值、总体百分比一致性)与实施例3中描述的回顾性验证结果进行比较。

[0370] 总百分比一致性为64%,具有79%的高阳性预测值,表示具有预测的PEPI3+的患者将产生针对分析的抗原的CD8T细胞特异性免疫应答的79%概率。临床试验数据与回顾性试验结果显著相关(p＝0.01),并提供了PEPI3+与PEPI试验一起计算的证据,以基于患者的完整HLA基因型预测抗原特异性T细胞应答(表13)。

[0371] 表13≥1 PEPI3+和PEPI试验的前瞻性验证

[0372]

参数	定义	回顾性验证 $n = 81$*	预期验证（OBERTO） $n = 70$**
PPV 阳性预测值	PEPI 测试结果阳性的个体 有抗原特异性T细胞应答的可能性	84%	79%
NPV 阴性预测值	PEPI 测试结果为阴性的个体 没有抗原特异性T细胞应答的可能性	42%	51%
OPA 整体一致性	真实结果的百分比，无论是阳性还是阴性	70%	64%
Fisher的准确概率测试（p）		0.01	0.01

[0373] *51名患者;6个临床试验;81个数据集**10名患者;Treos I期临床试验(OBERTO);70个数据集

[0374] 实例5≥1 PEPI3+试验预测CD8+T细胞反应性

[0375] 获得的支持数据显示≥1 PEPI3+与临床免疫原性数据相关,但现有技术的单HLA特异性表位确定未显示与疫苗特异性免疫原性相关。

[0376] 将≥1 PEPI3+计算与现有技术的用于预测特异性人受试者对肽抗原的CTL应答的方法进行比较。

[0377] 在二个不同临床试验中接受HPV-16合成长肽疫苗(LPV)的28例宫颈癌和VIN-3患者的HLA基因型由DNA样本确定。LPV由覆盖HPV-16病毒癌蛋白E6和E7的长肽组成。LPV的氨基酸序列获自M.J.Welters,et al.Induction of tumor-specific CD4+and CD8+T-cell immunity in cervical cancer patients by a human papillomavirus type 16 E6 and E7 long peptides vaccine.Clin Cancer Res 14,178-187(2008).、G.G.Kenter,et al.Vaccination against HPV-16 oncoproteins for vulvar intraepithelial neoplasia.N Engl J Med 361,1838-1847(2009).、M.J.Welters,et al.Success or failure of vaccination for HPV16-positive vulvar lesions correlates with kinetics and phenotype of induced T-cell responses.Proc Natl Acad Sci USA 107,11895-11899(2010)..。这些出版物还报告了每个接种患者对疫苗的重叠肽库的T细胞应答。25名(20名有VIN-3,5名有宫颈癌)患者有可利用的免疫应答数据,25名有可利用的临床应答数据。

[0378] 对于每个患者,鉴定由至少三种患者I类HLA(PEPI3+)呈递的LPV表位(9mer),并测定它们在肽库中的分布。预测包含至少一个PEPI3+(≥1 PEPI3+)的肽诱导CD8+T细胞应答。预测不包含PEPI3+的肽不诱导CD8+T细胞应答。

[0379] 疫苗接种后测量的555例阴性CD8+T细胞应答中≥1个PEPI3+阈值正确预测529例(95%真阴性(TN)率)和45例阳性CD8+T细胞应答中有9例(20%真阳性(TP)率)(图3A)。总之,≥1 PEPI3+阈值与实验测定的CD8+T细胞反应性之间的一致性为90%(p<0.001)。对于每个患者,还测定了由至少一种患者I类HLA(≥1 PEPI1+,HLA限制性表位预测,现有技术方法)呈递的表位的肽库之间的分布。四十二个HLA I类结合表位预测45个CD8+T细胞应答(93%TP率)。相反,在555阴性T细胞应答中,仅105例被HLA结合表位排除(19%TN比率)(图3B)。总之,单个HLA I类等位基因结合表位和CD8+T细胞应答之间的一致性是25%,这在统计学上是不显著的。

[0380] 实例6 HLA II类限制性CD4+辅助性T细胞表位的预测

[0381] 在二个不同临床试验(如实例5中详述)中接受HPV-16合成长肽疫苗(LPV)的28例宫颈癌和VIN-3患者在LPV接种后进行CD4+辅助性T细胞应答的研究(图4)。HLA II类限制性表位预测的TP率为95%,因为现有技术工具预测了117例中的112例阳性应答(对人HLA II类等位基因的肽库的阳性CD4+T细胞反应性)。TN率为0%,因为它可以排除33例中的0例阴性应答。总之,HLA限制性II类PEPI预测与CD4+T细胞反应性之间的一致性为75%(不显著)。

[0382] HLA II类结合PEPI3+预测了117例中的86例阳性CD4+T细胞应答(73%TP率),并排除了33例中的17例阴性T细胞应答(52%TN率)。总之,HLA II类PEPI3+和CD4+T细胞应答之间的一致性是69%(p=0.005)(图4A)。

[0383] 实例7≥1 PEPI3+测试预测T细胞对全长LPV多肽的应答

[0384] 使用与实例5和6报告的相同的研究,使用≥1 PEPI3+测试来预测患者对LPV疫苗

的全长E6和E7多肽抗原的CD8+和CD4+T细胞应答。将结果与实验测定的应答进行比较。该测试准确地预测了具有阳性CD8+T细胞反应性测试结果的15例VIN-3患者中有11例患者具有CD8+T细胞反应性(灵敏度70％,PPV85％)及5例宫颈癌患者中有2例患者具有CD8+T细胞反应性(灵敏度40％,PPV100％)(图5A)。VIN-3和宫颈癌患者的CD4+T细胞反应性(PEPI3+)均准确地预测为100％(图5B)。

[0385] 还观察到I类和II类HLA限制性PEPI3+计数与报告的LPV接种患者的临床益处相关。具有较高PEPI3+计数的患者在3个月后已经具有完全或部分应答。在VIN-3患者中,PEPI的数量与对于HLA II类PEPI而不是HLA I类PEPI的临床响应之间也存在相关性,这证实了临床试验的事后分析结果(图5C和5D)。

[0386] 实例8病例研究,PEPI3+与疫苗特异性免疫原性的相关性

[0387] “疫苗-1”是基于HPV16的DNA疫苗,其含有全长E6和E7抗原,其间具有接头。“疫苗-2”是基于HPV18的DNA疫苗,其含有全长E6和E7抗原,其间具有接头(图6A)。II期临床试验研究了17名宫颈癌HPV感染患者的T细胞应答,所述患者用“疫苗-1”和“疫苗-2”接种(“Vaccine-3”vaccination,Bagarazzi et al.ScienceTranslational Medicine 2012;4(155):155ra138.)。

[0388] 图6B显示了二位示例性患者(患者12-11和患者14-5)在二种HPV-16和二种HPV-18抗原全长序列内由这些患者的至少1种(PEPI1+)、至少2种(PEPI2+)、至少3种(PEPI3+)、至少4种(PEPI4+)、至少5种(PEPI5+)或所有6种(PEPI6)I类HLA呈递的每个表位(9mer)的位置。

[0389] 对于联合疫苗,患者12-11的总PEPI1+计数为54(由一种或多种I类HLA呈递的54个表位),患者14-5的PEPI1+计数为91。因此,就四种HPV抗原而言,患者14-5比患者12-11具有更高的PEPI1+计数。PEPI1+代表患者12-11和14-5的不同疫苗抗原特异性HLA限制性表位集合。在这二位患者中只有27种PEPI1+是常见的。

[0390] 对于PEPI3+计数(由三种或更多种患者I类HLA呈递的表位数量),患者12-11和14-5的结果逆转。患者12-11的PEPI3+计数为8,在四种HPV16/18抗原的每一种中包括至少一种PEPI3+。患者14-5的PEPI3+计数为0(图6C)。

[0391] 所报告的这二位患者的免疫应答与PEPI3+计数匹配,而与PEPI1+计数不匹配。如通过ELISpot测量的,患者12-11在接种后对四种抗原中的每一种产生免疫应答,而患者14-5对疫苗的四种抗原中的任一种都不产生免疫应答。当比较试验中所有17例患者的PEPI1+和PEPI3+组时,观察到类似的模式。PEPI1+计数与临床试验报告的实验测定的T细胞应答之间没有相关性。然而,我们观察到通过≥1 PEPI3+测试预测的T细胞免疫与报告的T细胞免疫之间的相关性。≥1 PEPI3+测试预测了HPVDNA疫苗的免疫应答者。

[0392] 此外,患者PEPI3+组的多样性类似于癌症疫苗试验中通常发现的T细胞应答的多样性。与患者14-5相似,患者12-3和12-6不具有预测HPV疫苗不能触发T细胞免疫的PEPI3+。所有其他患者具有至少一个PEPI3,其预测HPV疫苗可引起T细胞免疫的可能性。11例患者具有多种PEPI3+,预测HPV疫苗可能触发多克隆T细胞应答。患者15-2、15-3对二种HPV的E6均产生高水平的T细胞免疫应答,而对E7的免疫应答较差。其他患者15-1和12-11分别对HPV18和HPV16的E7具有相同程度的应答。

[0393] 实例9设计模型群体进行计算机模拟试验和鉴定大量群体的候选精确疫苗靶标

[0394] 一个433名受试者的计算机模拟人类试验组群,具有完整的4位HLA I类基因型(2×HLA-A*xx:xx;2×HLA-B*xx:xx;2×HLA-C*xx:xx)并汇编了人口统计信息。该模型群体具有混合种族的受试者,具有总共152种不同的HLA等位基因,代表>85%的目前已知的等位基因G组。

[0395] 还建立了含有7189名受试者的"大群体"数据库,这些受试者的特征在于4位HLA基因型和人口统计信息。大群体具有328个不同的HLA I类等位基因。模型群体的HLA等位基因分布与大群体显著相关(表14)(Pearson p<0.001)。因此433例患者模型群体代表16倍大的群体。模型群体依据HLA多样性和HLA频率代表了85%的人类。

[0396] 表14"模型群体"与"大群体"HLA分布的统计分析

[0397]

组名1	组名2	Pearson R值	相关性	p值
433模型群体	7,189大群体	0.89	强	P < 0.001

[0398] 实例10基于在多肽疫苗IMA901中鉴定多种HLA结合表位的计算机模拟试验预测了报告的临床试验免疫应答率

[0399] 靶向RCC患者肿瘤中的多抗原的可能性

[0400] IMA901是用于肾细胞癌(RCC)的治疗性疫苗,包含9种来肿瘤相关抗原(TUMAP)衍生的肽。已证明TUMAP天然存在于人癌组织中,它们是具有给定癌实体的患者亚群共有的过表达抗原(表15)。我们使用科学文献中的数据估计TSA在用IMA901疫苗治疗的受试者中表达的可能性(图7)。我们使用贝叶斯惯例,假设表达概率遵循β分布。

[0401] 我们将AG50定义为癌症疫苗中特异性肿瘤类型以50%概率表达的TSAs(AG)数量癌症疫苗的AG50模型假定每种AG产生与肿瘤类型中AG的表达率成比例的作用(如果疫苗中每种AG是免疫原性的)。

[0402] 对于靶向9种抗原(9种TUMAP)的IMA901疫苗,AG50值是4.7,这意味着约一半的抗原在50%的患者肿瘤中过表达。此外,靶向2种表达的抗原的概率是100%,3种抗原是96%。这些结果表明IMA901疫苗基于靶抗原选择的高效力。

[0403] 表15 TAAs在选择用于IMA901疫苗的RCC肿瘤中的过表达

[0404]

TAA(AG)	RCC肿瘤中的公布表达率*	预计表达率(95%CI)
ADF-001	5/11[1]	46%(21%,72%)
ADF-002	5/11	46%(21%,72%)
APO-001	9/11[2]	77%(52%,95%)
CCN-001	4/11	38%(15%,65%)
GUC-001	0/2[2]	25%(1%,71%)
K67-001	2/2	75%(29%,99%)
MET-001	11/11	92%(74%,100%)
MUC-001	0/11	8%(0%,26%)
RGS-001	7/11	62%(35%,85%)

[0405] *表达被定义为与来源出版物中提供的健康组织相比在肿瘤中的过表达。

[0406] [1]Walter S et al,Multipeptide immune response to cancer vaccine IMA901 after single-dose cyclophosphamide associates with longer patient survival,Nature Medicine,(2012),18,1254-1261

[0407] [2]Krüger T et al,Lessons to be learned from primary renal cell carcinomas,Cancer Immunol,Immunother,2005,54,826-836

[0408] 在RCC患者的肿瘤中诱导针对多抗原的免疫应答的可能性

[0409] 在二个独立的临床研究(I期和II期)中,用IMA901治疗总共96个具有晚期RCC的HLA-A*02+受试者(Walter S et al,Multipeptide immune response to cancer vaccine IMA901 after single-dose cyclophosphamide associates with longer patient survival,Nature Medicine,(2012),18,1254-1261)。IMA901的9种肽中的每一种已被鉴定为HLA-A2限制性表位。基于目前公认的标准,所有9种肽都是在试验受试者中促进对抗肾癌的T细胞应答的强候选物,因为已经在肾癌患者中检测到它们的存在,并且因为试验患者被特异性地选择为具有至少一种能够呈递每种肽的HLA分子(HLA-A*02)。尽管有这种限制,但对疫苗的至少一种肽所测量的I期和II期临床试验的免疫应答率分别为74%和64%。

[0410] 我们通过计算机预测分析了IMA901中的每个TUMAP的HLA结合特性,发现9个TUMAP中的8个可以结合许多HLA-A*02等位基因,证实了鉴定过程(图8)。但是,我们发现每个TUMAP可以结合到许多其它HLAB*和HLA-C*等位基因(图8A)。

[0411] 由于参与IMA901临床试验的受试者的完整的4位HLA基因型是不可用的,我们使用来自另一临床试验的51个HLA-A*02选择的RCC受试者的基因型数据来表征IMA901疫苗的免疫原性(参考文献:Chowell D,Morris LGT,Grigg CM,Weber JK,Samstein RM,et al.Patient HLA class Igenotype influences cancer response to checkpoint blockade immunotherapy.Science.2018;359(6375):582-587.)。如图8B所示,只有少数TUMAP能够结合同一受试者的多个HLA。在此背景下,免疫原性最高的肽变为能够在35%的RCC患者中产生PEPI的MET-001。然而,CCN-001不能在任何患者中产生PEPI,与图8A一致;CCN-001仅与HLA-A*02等位基因结合。根据图8A,MUC-001理论上也能结合其它等位基因(HLA-B和HLA-C),然而那些等位基因在我们的模型群体的患者中不存在,因此该肽也不能产生PEPI。

[0412] 将在2个临床试验中测定的IMA901疫苗的免疫原性与在我们的RCC模型群体中使用PEPI试验测定的PEPI反应率进行比较。我们发现67%(C19553-78%)对IMA901疫苗的至少一种肽的免疫应答。根据PEPI试验,这些HLA-A*02+对象中的33%(CI95 22-47%)没有3个HLA结合任何TUMAP。有趣的是,IMA901在分别处于I期和II期临床试验的25%和36%的HLA-A*02选择对象中不诱导T细胞应答。此外,PEPI测试预测,对于一个TUMAP,具有1个PEPI的受试者30%(CI95 19-43%)和对于至少二个IMA901肽,具有37%(CI95 25-51%)≥2个PEPI,这与在二个临床试验中对1个或≥2个TUMAP的平均40%和27%免疫应答一致(表16)。在3个组群中发现的免疫原性之间的差异可以由研究受试者的HLA基因型的差异以及在测量T细胞应答和用PEPI试验测定PEPI中的潜在误差来解释(参见实例1)。I期和II期研究结果显示了在不同试验组群中对相同疫苗的免疫应率的变异性。然而,PEPI应答率和肽疫苗的免疫原性之间的一致性由宿主HLA序列决定。

[0413] 表16 IMA901疫苗的免疫原性由宿主HLA基因型(多HLA)确定

[0414]

对TUMAP的免疫应答	I期 (n = 27) *	II期 (n = 61) *	I期 + II期 (n = 88)	RCC模型群体 (n = 51) ** (CI95%)
无肽	25%	36%	33%	33% (22-47%)
≥1 肽	74%	64%	67%	67% (53-78%)
1 肽	44%	38%	40%	30% (19-43%)
≥2 肽	29%	26%	27%	37% (25-51%)

[0415] *用IMA901疫苗进行的试验的由物体报告的免疫数据(参考文献:Walter Nat Med 2012);

[0416] **PEPI测试预测的目标物

[0417] 与AG50类似,我们将AP50定义为疫苗的PEPI抗原的平均数量,其显示疫苗如何诱导针对组合物靶向的抗原的免疫应答(癌症疫苗特异性免疫应答)。因此,AP取决于所分析的群体的HLA异质性,并且不依赖于肿瘤上抗原的表达。IMA901组合物可以诱导针对平均1.06个疫苗抗原(AP50=1.06)的免疫应答,这意味着在HLA-A*02选定的RCC模型群体中,其可以诱导针对至少一种疫苗抗原的免疫应答。这个结果远低于免疫原性的设计意图(用9种肽治疗的HLA匹配的患者)。

[0418] IMA901肽疫苗中TUMAP的免疫原性和临床应答的比较

[0419] 由针对单一抗原的疫苗诱导的免疫应答可能不足以用于临床活性,因为给定的抗原可能不在患者中表达。因此,我们将AGP定义为靶向表达抗原的免疫应答,考虑了疫苗抗原在肿瘤上的免疫原性和表达可能性,如上所述。AGP取决于在所示肿瘤中的抗原(AG)表达率和能够在研究群体中产生PEPI(P)的受试者的HLA基因型。

[0420] 因此,我们研究了针对不同数量抗原(TUMAP)的免疫应答与针对可能表达的抗原(AGP)的免疫应答之间的相关性。我们发现由一种肽(1TUMAP)引发的免疫应答对应于0.98AGP,意味着由IMA901疫苗的任何肽诱导的免疫应答将靶向肿瘤上表达的抗原的概率为98%(图9)。然而,由2或3个TUMAP引发的免疫应答分别仅对应于1.44和2.21 AGP。对应于0 TUMAP的0.35 AGP表示PEPI测试预测的累积误差(参见实例1)。

[0421] 为了表征癌症疫苗的效力,我们定义了AGP50,该参数显示疫苗诱导的CTL在肿瘤中以50%的概率可以识别的抗原的数目。计算类似于AG50,但除了表达外,也考虑在某些疫苗抗原上PEPI呈递的发生。RCC模型群体的IMA901疫苗的AGP50为1.10。

[0422] 在回顾性分析中,IMA901临床试验研究者发现,与没有应答或仅对1个TUMAP应答的受试者相比,对IMA901的多种TUMAP应答的显著更多受试者经历疾病控制(DC、稳定疾病或部分应答)(表17)。由于PEPI的存在精确地预测了TUMAP应答者对TUMAP的应答者,我们研究了TUMAP应答者亚群中疾病控制率与AGP之间的关系。类似地,对于研究者,我们使用我们的RCC模型群体分析了预测对0、1或2个TUMAP具有免疫应答的亚群中可能具有针对表达的抗原(即:≥1AGP)的免疫应答的患者百分比。有趣的是,在亚群中,具有1AGP的患者的百分比与具有疾病控制的患者的百分比相似:即:33%的患者具有疾病对照,而47%(CI95 23-67%)具有1种AGP,且相当多的患者具有亚组中分别对2种TUMAP具有75%与90%(CI95 70,97%)的免疫应答的疾病对照和AGP。这些结果表明,只有那些对至少一种表达的肿瘤抗原具有免疫应答的患者才可能经历临床益处。此外,在我们的RCC模型群体中具有1 AGP的患者的百分比与用IMA901疫苗进行的I期和II期试验的疾病控制率相似(表17)。

[0423] 表17临床益处和AGP之间的相关性

[0424]

亚群	临床亚群中具有DC的患者%	模型亚群具有1 AGP的患者%（CI95）
无免疫应答	14%	5%（0%，18%）
对1TUMAP有免疫应答	33%	47%（23%，67%）
对≥2 TUMAP有免疫应答	75%	90%（70%，97%）
I期	40%	49%（35%，61%）
II期	31%	

[0425] 在多个群体中IMA901疫苗效力的分析

[0426] 如表18所示，IMA901疫苗观察到4.7的AG50值，表明基于靶抗原选择的高效力。然而，在未选择的一般人群和HLA-A*02选择对象中IMA901的AP50分别仅为0.75和1.12。对于未选择的RCC模型群体和HLA-A*02选择的群体，获得了类似的结果。该结果证明HLA-A02富集改善了IMA901的抗原性，然而不能确保疫苗的免疫原性。因此，描述疫苗效力的AGP50值在每个群体中较低。

[0427] 表18 IMA901疫苗在未选择群体和HLA-A02选择受试者中的效力

[0428]

模型群体	AG50	AP50	AGP50
所有受试者(n＝433)	4.7	0.75	0.49
HLA-A*02受试者(n＝180)	4.7	1.12	0.81
RCC群体(n＝129)	4.7	0.61	0.70
RCC亚群A*02(n＝51)	4.7	1.06	1.10

[0429] 实例11基于鉴定多种HLA结合表位的计算机模拟试验预测了所报告的临床试验的T细胞应答率

[0430] 本研究的目的是确定模型群体(例如实例8中描述的模型群体)是否可用于预测疫苗的CTL反应率(reactivity rates)，即用于计算机模拟效力试验，以及确定疫苗试验的临床结果和PEPI之间的相关性。

[0431] 公开的临床试验结果收集自用治疗性疫苗的研究，其包括用涵盖61种不同抗原的42种治疗性疫苗治疗的64个临床研究中的1,790名受试者(表15)。在那些临床试验中使用的相同疫苗用于对433人白细胞抗原(HLA)基因型受试者的模型群体进行计算机试验(描述于实例9中)。由于除了数据可用性之外的原因，没有排除受试者。IRR定义为研究群体中具有由研究疫苗诱导的T细胞应答的受试者的比例。ORR定义为在接种后具有客观反应(完全和部分反应)的研究群体中受试者的比例。在计算机试验中计算具有PEPI(与受试者的3个HLA等位基因结合的个人表位)、多个PEPI和PEPI的受试者在多个抗原中的比例，以分别获得PEPI评分、MultiPEPI评分和MultiAgPEPI评分。将来自公开的临床试验的免疫和客观应答率(IRR和ORR)与PEPI评分、MultiPEPI评分和MultiAgPEPI评分进行比较。所有报告和计算的评分总结于表20中。

[0432] 表19公开的临床试验中患者人口统计的总结

[0433]

特征	计数	百分比
总受试者	1,790	
总研究数	64	

有HIV感染的受试者	12	1%
有肿瘤或发育不良的受试者	172	9%
有癌症的受试者	1606	90%
有实体瘤的受试者	1503	84%
有液体瘤的受试者	103	6%
有转移性肿瘤的受试者	788	44%
有非转移性肿瘤的受试者	818	46%
HLA选定的受试者	918	51%
非HLA选定的受试者	872	49%
HLA选定的受试者的试验	32	50%
非HLA选定的受试者的试验	32	50%

[0434] 表20反应率和PEPI分数

[0435]

免疫疗法	IRR	ORR	PEPI 分数	Multi PEPI 分数	MultiAg PEPI 分数
PSMA-Survivin脉冲DC疫苗	---	18%	3%	0%	0%
肽疫苗	---	3%	10%	0%	0%
HPV-SLP	83%	60%	73%	70%	34%
	100%	60%	73%	70%	34%
VGX-3100	78%	50%	87%	56%	64%
黑素瘤肽疫苗	52%	12%	42%	6%	6%
GAA肽疫苗	55%	15%	18%	0%	0%
KRM-20肽疫苗	40%	13%	36%	15%	15%
肽疫苗	100%	25%	81%	3%	1%
S-288310肽疫苗	67%	17%	44%	8%	8%
KIF20A-66肽疫苗	70%	26%	38%	7%	---
PepCan	65%	52%	62%	26%	---
Iplilimumab（NYESO-1特异性应答）	72%	25%	84%	65%	---
p53 SLP70-248	88%	0%	77%	52%	---
	100%	0%	77%	52%	---

[0436]

	0%	---	77%	52%	---
p53 SLP70-235	21%	---	75%	52%	---
GVX301	64%	0%	65%	7%	---
TroVax疫苗（OXB-301）	65%	0%	94%	83%	---
	57%	0%	94%	83%	---
StimuVax	21%	---	2%	---	---
IMA901	74%	---	48%	27%	27%
	64%	---	48%	27%	27%
ICT107	33%	---	52%	---	---
ProstVac	67%	---	50%	23%	---
	45%	---	50%	23%	---
	76%	---	50%	23%	---
	67%	---	50%	23%	---
	50%	---	50%	23%	---
	72%	---	50%	23%	---
Synchrotope TA2M	46%	---	24%	7%	---
MELITAC 12.1	49%	---	47%	19%	---
HIVIS	50%	---	88%	---	---
	80%	---	93%	---	---
ImMucin	90%	---	95%	70%	---
	100%	47%	95%	70%	---
NY-ESO-1 OLP	71%	---	84%	65%	---
	82%	0%	84%	65%	---
WT1 疫苗	83%	---	80%	77%	---
WT1 肽疫苗	72%	6%	86%	---	---
RHAMM-R3 肽疫苗	44%	0%	0%	---	---
GMMG-MM5 肽	35%	---	86%	21%	21%
INGN-225 p53疫苗	58%	4%	82%	61%	---
HR2822	8%	---	3%	---	---
GV1001	17%	---	3%	---	---
	45%	---	3%	---	---
Vx-001	51%	---	33%	---	---
	66%	7%	33%	---	---
	58%	4%	33%	---	---
	71%	0%	33%	---	---
NY-ESO-1f	90%	0%	55%	18%	---
GL-0817（MAGE-A3 Trojan）	33%	---	29%	3%	---
	57%	0%	29%	3%	---
	0%	0%	29%	3%	---
DPX0907（每肽）	0%	---	22%	---	---
	11%	---	18%	---	---

[0437]

	11%	---	7%	---	---
	11%	---	39%	---	---
	17%	---	12%	---	---
	17%	---	5%	---	---
	22%	---	31%	---	---
CV9103 mRNA疫苗	80%	---	100%	---	---
TG4010 疫苗	38%	13%	43%	6%	---
	26%	0%	43%	6%	---
	21%	---	43%	6%	---
	---	0%	---	---	---
SVN-2B肽疫苗	60%	---	35%	---	---
TSPP肽疫苗	---	5%	72%	31%	---
Her2/neu肽疫苗（p369）	62%	---	4%	---	---
Her2/neu肽疫苗（p688）	31%	---	1%	---	---
Her2/neu肽疫苗（p971）	54%	---	0%	---	---
MART-1肽疫苗	15%	---	0%	---	---

[0438] 我们在12种肽疫苗的先前研究中研究了≥1 PEPI3+评分和免疫应答率之间的相关性，所述肽疫苗源自在来自19个临床试验的172名受试者的亚群中诱导T细胞应答的癌抗原，所述临床试验从同行的综述出版物中鉴定。将试验报道的实验测定的响应速率与≥1 PEPI3+评分进行比较，发现≥1 PEPI3+评分和响应速率(R^2＝0.70)之间的线性相关性(p＝0.001)(图10A)。≥1 PEPI3+评分和免疫应答率之间的相关性然后通过59个临床试验的分析来证实，所述试验涉及用40种不同疫苗治疗的1,343个受试者。通过比较临床试验公布的IRR与模型群体的PEPI评分来分析每种疫苗。(图10B)。IRR和PEPI分数之间的相关性是显着的(r^2＝0.465和p＝0.001)该结果证明，通过在MP中的计算机试验确定的PEPI分数准确地预测在临床试验中观察到的IRR。

[0439] 为了测试多克隆T细胞应答是否增加肿瘤缩小的可能性，比较ORR和MultiPEPI评分。初步实验分析了用基于肽和DNA的免疫治疗疫苗进行的17个临床试验中临床应答(ORR或DCR)和MultiPEPI评分之间的关系。这些实验的结果证明临床应答率和MultiPEPI分数之间的显着相关性(r^2＝0.75，p＜0.001)。为了证实这些发现，收集并分析了来自使用21种不同疫苗的27个临床试验(涉及600名受试者)的ORR数据(图10C)。MultiPEPI评分被计算为具有来自研究疫苗的多个PEPI的模型群体中受试者的百分比。该实验的结果证明ORR与MultiPEPI得分不相关(图10D)。

[0440] 来自先前研究的结果表明，针对多种抗原的T细胞应答与更长的无进展存活和总体存活相关。因此，我们假设诱导针对多种肿瘤抗原的T细胞应答增加了肿瘤缩小的可能性。为了检验这一假设，收集并分析了来自用9种不同疫苗进行的10个临床试验的ORR数据，涉及263个用多抗原靶向疫苗处理的受试者。MultiAg PEPI分数计算为对至少二种抗原具有疫苗特异性PEPI的受试者的百分比。该实验的结果证明ORR和MultiAgPEPI得分(r^2＝0.64;p＝0.01)与ORR和MultiPEPI得分(r^2＝0.88和p＝0.001)之间的显着相关性(分别为图10E和F)。这些结果提示，针对多种肿瘤抗原的T细胞应答可以识别更大的肿瘤细胞群，从而增加肿瘤缩小的可能性。

[0441] 下一分析探究了PEPI特异性T细胞针对在感兴趣的肿瘤中表达的抗原的应答是否

增加了肿瘤缩小的可能性。总共15个临床试验登记了患有目标抗原阳性疾病的受试者，11个临床试验没有基于抗原表达的受试者预选。与没有靶标预选择的CT相比，具有靶标抗原阳性受试者的CT中具有客观应答的受试者的比例显著更高(分别为21.0％对3.6％，p＝0.03)。

[0442] ORR和MultiPEPI评分之间的相关性在具有证实的靶抗原表达的受试者中是统计学显著的(r^2＝0.56，p＝0.005)(图10G)。这些结果强调了肿瘤中存在相关PEPI的重要性，并且肿瘤中存在相关PEPI增加了肿瘤缩小的可能性。

[0443] 该研究证明，受试者的HLA基因型和PEPI之间的联系是预测对疫苗的临床应答的最重要因素。本研究还表明PEPI评分可以预测治疗性疫苗的临床结果。

[0444] 实例12 OBERTO的I/II期临床试验的研究设计和初步安全性数据

[0445] OBERTO试验是PolyPEPI1018疫苗和CDx用于治疗转移性结肠直肠癌的I/II期试验(NCT03391232)。研究设计如图11所示。

[0446] 入选标准

[0447] • 组织学上证实的源自结肠或直肠的转移性腺癌

[0448] • 根据RECIST 1.1的至少1个可测量参考病变的存在

[0449] • 在用全身性化疗方案和1种生物学治疗方案的一线治疗期间的部分应答或稳定疾病

[0450] 在诱导期间使用氟嘧啶(5-氟尿嘧啶或卡培他滨)加上相同生物剂(贝伐单抗、西妥昔单抗或帕尼单抗)的维持疗法，计划在用研究药物治疗的第一天之前开始

[0451] • 在治疗的第一天之前3周或更短时间的最后一次CT扫描

[0452] 对象戒断和中止

[0453] • 在最初的研究阶段(12周)，如果患者经历疾病发展并需要开始二线治疗，则患者将退出研究。

[0454] • 在研究的第二部分期间(第2次给药后)，如果患者经历疾病进展并且需要开始二线治疗，则患者将保持在研究中，按照计划接受第三次疫苗接种并且完成随访。

[0455] • 如预期的，观察到接种部位的短暂局部红斑和水肿，以及具有轻微发热和疲劳的流感样综合征。这些反应对于肽疫苗接种是已知的，并且通常与作用机制相关，因为发热和流感样综合征可能是诱导免疫应答的后果和征兆(这被称为用于儿童疫苗接种的典型疫苗反应)。

[0456] • 仅记录了与疫苗“可能相关”的一个严重不良事件(SAE)(表21)。

[0457] • 发生了与疫苗无关的单剂量限制性毒性(DLT)(昏厥)。

[0458] 安全性结果总结于表21中。

[0459] 表21 OBERTO临床试验中报道的严重不良事件。没有出现相关SAE(仅1个“可能相关”)。

[0460]

患者ID	SAE	相关性
010001	因疾病进展而死亡	不相关
010004	栓塞	不太可能相关
010004	腹痛	不相关
010007	肠梗阻	不相关

020004	非传染性急性脑炎	可能相关

[0461] 实例13疫苗设计期间基于表达频率的靶抗原选择及其对mCRC的临床验证

[0462] 共享的肿瘤抗原能够精确靶向所有肿瘤类型——包括具有低突变负荷的肿瘤类型。先前从2,391个CRC活组织检查收集的群体表达数据代表世界范围内CRC患者中抗原表达的变异性(图12A)。

[0463] PolyPEPI1018是一种肽疫苗,我们设计它含有12个独特的表位,这些表位来自于7个保守睾丸特异性抗原(TSA),它们经常在mCRC中表达。在我们的模型中,我们假设通过选择CRC中频繁表达的TSA,靶鉴定将是正确的并且将消除对肿瘤活检的需要。我们已经计算出7种TSA中的3种在每种肿瘤中表达的概率大于95%(图12B)。

[0464] 在I期研究中,我们评价了PolyPEPI1018作为转移性结肠直肠癌(mCRC)(NCT03391232)患者维持治疗的附加物的安全性、耐受性和免疫原性(也参见实例4)。

[0465] 免疫原性测量证明了预先存在的免疫应答,并间接证实了患者中靶抗原的表达。用富集荧光斑点分析(ELISPOT)从接种前分离的PBMC样品和在随后用PolyPEPI1018单次免疫后的不同时间点测量免疫原性以证实疫苗诱导的T细胞应答;用疫苗特异性肽(9mer和30mer)体外刺激PBMC样品以确定基线以上的疫苗诱导的T细胞应答。平均4个,至少2个患者具有预先存在的针对每种靶抗原的CD8T细胞应答(图12C)。10名患者中有7名预先存在针对至少1种抗原的免疫应答(平均3种)(图12D)。这些结果提供了正确的靶标选择的证据,因为在用PolyPEPI1018疫苗接种之前,CD8+T细胞对CRC特异性靶标TSA的应答证实了该靶标抗原在所分析的患者中的表达。靶向真实(表达的)TSA是有效肿瘤疫苗的先决条件。

[0466] 实例14 PolvPEPI1018疫苗的临床前和临床免疫原性证明了适当的肽选择

[0467] PolyPEPI1018疫苗含有六个30mer肽,每个肽通过连接二个衍生自7个TSA的免疫原性15mer片段(每个片段涉及9merPEPI,因此通过设计在每个30mer中有2个PEPI)而设计(图13)。基于2,391个活组织检查的分析,这些抗原经常在CRC肿瘤中表达(图12)。

[0468] 基于PEPI测试预测,对模型群体(n=433)和CRC群组(n=37)计算的临床前免疫原性结果导致98%和100%预测的免疫原性,并且这在OBERTO试验(n=10)中得到临床证明,其中在90%的患者中测量了至少一种抗原的免疫应答。更有趣的是,90%的患者具有针对至少2种抗原的疫苗肽特异性免疫应答,80%具有针对3种或更多种不同疫苗抗原的CD8+T细胞应答,显示了在PolyPEPI1018设计期间适当靶抗原选择的证据。CD4+T细胞特异性和CD8+T细胞特异性临床免疫原性详述于表22中。发现效应和记忆效应T细胞,CD4+和CD8+T细胞都具有高免疫应答率,10名患者中有9名被疫苗加强或重新诱导。另外,CRC反应性的、多功能性CD8+和CD4+T细胞的级分在接种后在患者的PBMC中分别增加了2.5倍和13倍。

[0469] 表22 mCRC中PolyPEPI1018的临床免疫原性结果。

[0470]

免疫应答	患者%（*n*）
CD4+ T细胞应答	100%（10/10）
针对≥3 抗原的CD8+ T细胞应答	80%（8/10）
同时有CD8+和CD4+ T细胞应答	90%（9/10）
离体检测到的CD8 + T细胞应答	71%（5/7）
离体检测到的CD4 + T细胞应答	86%（6/7）
与疫苗接种前相比，多功能（IFN-γ和TNF-α阳性）CD8 + T细胞部分的平均增加	0.39%
与疫苗接种前相比，多功能（IL-2和TNF-α阳性）CD4 + T细胞部分的平均增加	0.066%

[0471] 实例15 PolvPEPI1018治疗的临床应答

[0472] 分析在实例4、12、13和14中进一步描述的OBERTO临床试验(NCT03391232)的初步客观肿瘤反应率(RECIST 1.1)(图14)。在十一名接受维持治疗的接种患者中,5名在初步分析的时间点(12周)具有稳定的疾病(SD),3名在治疗(维持治疗+接种)中观察到意外的肿瘤应答(部分应答,PR),3名根据RECIST 1.1标准已经发展为疾病(PD)。在69％的维持治疗(卡培他滨和贝伐单抗)的患者中实现了作为最佳反应的稳定疾病。020004患者12周后疗效持久,010004患者疗效持久,适合根治性手术。第3次接种后,该患者没有疾病迹象,因此是完全应答者,如图14的泳池分布图所示。

[0473] 一次接种后,ORR为27％,DCR为63％,在接受至少2个剂量(3个剂量中)的患者中,5个中有2个具有ORR(40％),DCR高达80％(5个患者中有4个为SD+PR+CR)(表23)。

[0474] 表23在≥1和≥2疫苗接种剂量后,对于POEPI1018处理的临床应答

[0475]

接种剂量数	客观应答率（CR+PR）	疾病控制率（SD + PR+CR）
≥1	27%（3/11）	63%（7/11）
≥2	40%（2/5）	80%（4/5）

[0476] 基于在OBERTO-101临床试验中接受多剂量PolyPEPI1018疫苗的5名患者的数据,初步数据表明更高的AGP计数(＞2)与更长的PFS和升高的肿瘤尺寸减小有关(图14B和C)。

[0477] 实例16用于治疗癌症的肽的选择

[0478] 基于本文所述的PEPI在T细胞活化中的作用的发现,开发了设计用于治疗癌症的肽的方法。特别地,所述肽被设计成在最大数量的人受试者中刺激针对已知肿瘤相关抗原的T细胞应答。

[0479] 选择了192个TSA,已知它们在19种癌症适应症的一种或多种中表达(表24)。当在同行综述的出版物中可获得时,关于TSA在不同癌症适应症中的表达率的数据用于通过表达频率对每个适应症中的TSA进行排名。TSA的排名次序在每种适应症中不同。

[0480] 表24通过适应症和表达率(ER)的TSA

[0481]

乳腺癌				肺癌				前列腺癌			
#	AG ID NO	抗原	%	#	AG ID NO	抗原	%	#	AG ID NO	抗原	%
1	111	PIWIL1	100%	1	179	KIF20A	95%	1	115	PLAC1	100%
2	112	PIWIL2	94%	2	173	CEP55	94%	2	112	PIWIL2	100%
3	131	SPAG9	88%	3	32	DCAF12	89%	3	106	PAGE4	100%
4	8	AKAP-4	85%	4	19	CDCA1	85%	4	62	JARID1B	100%
5	36	EpCAM	76%	5	36	EpCAM	78%	5	36	EpCAM	98%
6	62	JARID1B	76%	6	130	SPAG1	71%	6	27	CTCFL	98%
7	27	CTCFL	74%	7	192	ZNF645	68%	7	133	SPATA19	88%
8	154	TSGA10	70%	8	115	PLAC1	68%	8	19	CDCA1	85%
9	140	Survivin	68%	9	112	PIWIL2	66%	9	140	Survivin	83%
10	19	CDCA1	64%	10	116	PRAME	63%	10	92	NKX3.1	70%
11	102	ODF4	63%	11	63	KOC1	62%	11	8	AKAP-4	65%
12	110	PEPP2	60%	12	140	Survivin	59%	12	32	DCAF12	59%
13	71	MAGE-A11	59%	13	131	SPAG9	56%	13	145	TDRD1	47%
14	160	XAGE-1	58%	14	62	JARID1B	55%	14	31	DBPC	40%
15	42	FMR1NB	55%	15	153	TRAG-3	54%	15	66	LDHC	38%
16	168	ATAD2	52%	16	77	MAGE-A6	51%	16	20	CRISP2	38%
17	191	WBP2NL	50%	17	39	FAM46D	50%	17	90	MUC-1	34%
18	31	DBPC	50%	18	171	CCDC110	50%	18	39	FAM46D	33%
19	116	PRAME	49%	19	22	CT46	47%	19	108	PASD1	29%
20	59	HOM-TES-85	47%	20	7	AKAP-3	46%	20	136	SSX-2	28%
21	96	NY-BR-1	47%	21	81	MAGE-B2	43%	21	130	SPAG1	27%
22	129	SP17	47%	22	161	XAGE-1b	43%	22	94	NR6A1	25%
23	79	MAGE-A9	44%	23	185	SPAG8	43%	23	4	ADAM2	25%
24	43	FSIP1	42%	24	69	MAGE-A1	42%	24	34	DMRT1	24%
25	2	ACRBP	40%	25	170	CASC5	41%	25	67	LEMD1	23%
26	7	AKAP-3	40%	26	73	MAGE-A2	40%	26	77	MAGE-A6	23%
27	145	TDRD1	38%	27	177	HSPB9	40%	27	55	HAGE	22%
28	41	FBXO39	38%	28	93	NLRP4	38%	28	18	CCDC62	22%
29	123	SCP-1	37%	29	64	KU-CT-1	38%	29	98	NY-ESO-1	21%
30	66	LDHC	35%	30	14	BRDT	37%	30	73	MAGE-A2	18%
31	67	LEMD1	35%	31	74	MAGE-A3	37%	31	154	TSGA10	15%
32	70	MAGE-A10	34%	32	152	TPTE	36%	32	74	MAGE-A3	15%
33	69	MAGE-A1	31%	33	27	CTCFL	36%	33	95	NXF2	14%
34	49	GAGE-7	31%	34	30	CXorf61	34%	34	69	MAGE-A1	13%
35	130	SPAG1	31%	35	55	HAGE	32%	35	149	TEX15	13%
36	22	CT46	29%	36	21	CT45	32%	36	33	DKKL1	13%
37	185	SPAG8	29%	37	150	THEG	31%	37	146	TEKT5	11%
38	74	MAGE-A3	28%	38	158	VCX	31%	38	129	SP17	10%
39	138	SSX-4	27%	39	72	MAGE-A12	31%	39	116	PRAME	10%
40	132	SPAN-Xc	26%	40	31	DBPC	30%	40	100	ODF2	10%
41	184	SPAG6	21%	41	35	DPPA2	30%	41	99	ODF1	10%
42	33	DKKL1	20%	42	20	CRISP2	29%	42	70	MAGE-A10	10%
43	86	MAGE-C2	19%	43	184	SPAG6	29%	43	64	KU-CT-1	10%
44	85	MAGE-C1	16%	44	108	PASD1	29%	44	65	Lage-1	8%
45	20	CRISP2	15%	45	66	LDHC	29%	45	135	SSX-1	7%
46	98	NY-ESO-1	15%	46	51	GASZ	29%	46	86	MAGE-C2	6%
47	77	MAGE-A6	15%	47	65	Lage-1	28%	47	72	MAGE-A12	5%
48	21	CT45	15%	48	42	FMR1NB	28%	48	111	PIWIL1	4%
49	55	HAGE	14%	49	75	MAGE-A4	27%	49	2	ACRBP	4%
50	44	FTHL17	14%	50	86	MAGE-C2	27%	50	117	PRSS55	1%
51	30	CXorf61	13%	51	160	XAGE-1	25%	51	142	TAF7L	0%
52	65	Lage-1	12%	52	44	FTHL17	25%	52	134	SPO11	0%
53	72	MAGE-A12	12%	53	8	AKAP-4	25%	53	102	ODF4	0%
54	153	TRAG-3	10%	54	70	MAGE-A10	24%	54	101	ODF3	0%
55	10	BAGE-1	9%	55	167	COX6B2	24%	55	88	MORC1	0%
56	135	SSX-1	9%	56	168	ATAD2	23%	56	81	MAGE-B2	0%

[0482]

57	75	MAGE-A4	9%	57	166	ZNF165	21%	57	80	MAGE-B1	0%
58	76	MAGE-A5	9%	58	149	TEX15	21%	58	75	MAGE-A4	0%
59	63	KOC1	8%	59	182	PTTG-1	20%	59	63	KOC1	0%
60	136	SSX-2	7%	60	2	ACRBP	20%	60	44	FTHL17	0%
61	159	WT1	7%	61	85	MAGE-C1	19%	61	42	FMR1NB	0%
62	127	SLCO6A1	7%	62	88	MORC1	18%	62	10	BAGE-1	0%
63	115	PLAC1	4%	63	98	NY-ESO-1	17%	63	168	ATAD2	0%
64	23	CT47	4%	64	132	SPAN-Xc	17%	结直肠癌			
65	121	SAGE1	2%	65	169	CABYR	16%	#	AG ID NO	抗原	%
66	95	NXF2	2%	66	111	PIWIL1	15%	1	180	MCAK	100%
67	149	TEX15	0%	67	95	NXF2	15%	2	113	PIWIL3	96%
68	147	TEX101	0%	68	29	CXorf48	15%	3	67	LEMD1	94%
69	142	TAF7L	0%	69	121	SAGE1	15%	4	159	WT1	91%
70	139	SSX-5	0%	70	23	CT47	14%	5	31	DBPC	90%
71	137	SSX-3	0%	71	16	CAGE1	14%	6	155	TSP50	89%
72	134	SPO11	0%	72	80	MAGE-B1	13%	7	36	EpCAM	88%
73	101	ODF3	0%	73	138	SSX-4	13%	8	140	Survivin	87%
74	88	MORC1	0%	74	163	XAGE-1d	13%	9	1	5T4	85%
75	17	CALR3	0%	75	61	IL13RA2	12%	10	7	AKAP-3	83%
76	4	ADAM2	0%	76	33	DKKL1	12%	11	27	CTCFL	80%
卵巢癌				77	129	SP17	12%	12	112	PIWIL2	80%
#	AG ID NO	抗原	%	78	141	SYCE1	11%	13	16	CAGE1	74%
1	36	EpCAM	92%	79	59	HOM-TES-85	11%	14	8	AKAP-4	74%
2	131	SPAG9	90%	80	10	BAGE-1	10%	15	131	SPAG9	71%
3	8	AKAP-4	89%	81	136	SSX-2	10%	16	63	KOC1	65%
4	113	PIWIL3	88%	82	146	TEKT5	10%	17	2	ACRBP	63%
5	140	Survivin	85%	83	142	TAF7L	9%	18	168	ATAD2	58%
6	153	TRAG-3	83%	84	17	CALR3	9%	19	130	SPAG1	55%
7	27	CTCFL	82%	85	135	SSX-1	8%	20	60	IGFS11	55%
8	62	JARID1B	71%	86	113	PIWIL3	7%	21	146	TEKT5	50%
9	111	PIWIL1	68%	87	5	ADAM29	7%	22	171	CCDC110	50%
10	2	ACRBP	65%	88	127	SLCO6A1	7%	23	111	PIWIL1	48%
11	179	KIF20A	65%	89	145	TDRD1	5%	24	108	PASD1	44%
12	159	WT1	63%	90	176	HORMAD2	5%	25	78	MAGE-A8	44%
13	129	SP17	62%	91	139	SSX-5	4%	26	35	DPPA2	44%
14	112	PIWIL2	61%	92	123	SCP-1	1%	27	166	ZNF165	43%
15	116	PRAME	59%	93	4	ADAM2	1%	28	177	HSPB9	40%
16	33	DKKL1	57%	94	162	XAGE-1c	0%	29	19	CDCA1	40%
17	7	AKAP-3	48%	95	156	TSPY1	0%	30	41	FBXO39	39%
18	66	LDHC	43%	96	134	SPO11	0%	31	106	PAGE4	33%
19	63	KOC1	43%	97	83	MAGE-B4	0%	32	26	cTAGE5	31%
20	70	MAGE-A10	38%	98	82	MAGE-B3	0%	33	97	NYD-TSPG	30%
21	79	MAGE-A9	37%	99	68	LIPI	0%	34	115	PLAC1	27%
22	75	MAGE-A4	37%	100	41	FBXO39	0%	35	132	SPAN-Xc	24%
23	154	TSGA10	35%	101	40	FATE1	0%	36	51	GASZ	22%
24	143	TAG-1	35%	膀胱癌				37	39	FAM46D	22%
25	21	CT45	33%	#	AG ID NO	抗原	%	38	77	MAGE-A6	22%
26	59	HOM-TES-85	32%	1	19	CDCA1	100%	39	74	MAGE-A3	22%
27	130	SPAG1	31%	2	89	MPHOSPH1	90%	40	40	FATE1	21%
28	35	DPPA2	31%	3	112	PIWIL2	82%	41	24	CTAGE1	19%
29	74	MAGE-A3	30%	4	131	SPAG9	81%	42	75	MAGE-A4	18%
30	124	SCP3a	25%	5	140	Survivin	62%	43	73	MAGE-A2	18%
31	69	MAGE-A1	24%	6	79	MAGE-A9	61%	44	29	CXorf48	17%
32	98	NY-ESO-1	23%	7	78	MAGE-A8	57%	45	17	CALR3	16%
33	65	Lage-1	22%	8	36	EpCAM	54%	46	66	LDHC	15%
34	115	PLAC1	21%	9	24	CTAGE1	53%	47	55	HAGE	15%
35	31	DBPC	20%	10	25	CTAGE2	49%	48	69	MAGE-A1	14%
36	85	MAGE-C1	20%	11	109	PBK	43%	49	65	Lage-1	13%
37	161	XAGE-1b	18%	12	74	MAGE-A3	42%	50	18	CCDC62	13%
38	123	SCP-1	15%	13	154	TSGA10	38%	51	107	PAGE5	11%
39	88	MORC1	14%	14	69	MAGE-A1	34%	52	21	CT45	10%
40	20	CRISP2	14%	15	98	NY-ESO-1	31%	53	95	NXF2	9%
41	144	TAG-2a	13%	16	65	Lage-1	30%	54	119	RAGE-1	8%
42	138	SSX-4	13%	17	72	MAGE-A12	29%	55	76	MAGE-A5	7%
43	162	XAGE-1c	11%	18	145	TDRD1	29%	56	22	CT46	7%
44	136	SSX-2	7%	19	2	ACRBP	28%	57	153	TRAG-3	7%
45	73	MAGE-A2	7%	20	70	MAGE-A10	28%	58	72	MAGE-A12	6%
46	163	XAGE-1d	6%	21	85	MAGE-C1	27%	59	123	SCP-1	6%
47	160	XAGE-1	5%	22	75	MAGE-A4	27%	60	136	SSX-2	5%
48	135	SSX-1	2%	23	77	MAGE-A6	25%	61	154	TSGA10	5%
49	139	SSX-5	0%	24	73	MAGE-A2	25%	62	86	MAGE-C2	4%
50	137	SSX-3	0%	25	55	HAGE	24%	63	152	TPTE	4%
51	134	SPO11	0%	26	44	FTHL17	22%	64	116	PRAME	4%
52	132	SPAN-Xc	0%	27	149	TEX15	21%	65	98	NY-ESO-1	3%
53	18	CCDC62	0%	28	63	KOC1	20%	66	70	MAGE-A10	3%

[0483]

54	4	ADAM2	0%
胰腺癌			
#	AG ID NO	抗原	%
1	171	CCDC110	100%
2	181	MSLN	96%
3	130	SPAG1	93%
4	36	EpCAM	85%
5	174	DKK1	84%
6	140	Survivin	83%
7	159	WT1	72%
8	111	PIWIL1	71%
9	179	KIF20A	63%
10	1	5T4	62%
11	31	DBPC	60%
12	172	CEA	60%
13	63	KOC1	54%
14	115	PLAC1	44%
15	64	KU-CT-1	33%
16	123	SCP-1	31%
17	27	CTCFL	29%
18	69	MAGE-A1	27%
19	170	CASC5	27%
20	178	hTERT	21%
21	138	SSX-4	21%
22	46	GAGE-2	17%
23	74	MAGE-A3	11%
24	65	Lage-1	7%
25	136	SSX-2	4%
26	98	NY-ESO-1	4%
27	75	MAGE-A4	2%
28	70	MAGE-A10	1%
29	137	SSX-3	0%
30	135	SSX-1	0%
31	132	SPAN-Xc	0%
32	85	MAGE-C1	0%
脑癌			
#	AG ID NO	抗原	%
1	166	ZNF165	100%
2	109	PBK	100%
3	178	hTERT	100%
4	175	EZH2	100%
5	37	EPHA2	95%
6	61	IL13RA2	95%
7	157	TYR	91%
8	140	Survivin	87%
9	54	gp100	85%
10	71	MAGE-A11	85%
11	154	TSGA10	83%
12	44	FTHL17	82%
13	159	WT1	81%
14	111	PIWIL1	76%
15	112	PIWIL2	64%
16	165	XAGE-3	60%
17	131	SPAG9	60%
18	128	SOX-6	60%
19	179	KIF20A	58%
20	116	PRAME	56%
21	3	ACTL8	54%
22	1	5T4	50%
23	103	OIP5	48%
24	186	SPINLW1	47%
25	74	MAGE-A3	42%
26	45	GAGE-1	42%
27	69	MAGE-A1	41%
28	63	KOC1	38%
29	55	HAGE	38%
30	29	CXorf48	35%
31	86	MAGE-C2	34%
32	108	PASD1	31%
33	73	MAGE-A2	28%
34	127	SLCO6A1	19%
35	160	XAGE-1	18%
36	95	NXF2	18%
37	36	EpCAM	16%
29	22	CT46	20%
30	116	PRAME	19%
31	86	MAGE-C2	19%
32	95	NXF2	19%
33	136	SSX-2	13%
34	121	SAGE1	12%
35	138	SSX-4	11%
36	142	TAF7L	10%
37	132	SPAN-Xc	9%
38	135	SSX-1	7%
39	123	SCP-1	2%
40	156	TSPY1	0%
41	81	MAGE-B2	0%
42	80	MAGE-B1	0%
43	59	HOM-TES-85	0%
白血病			
#	AG ID NO	抗原	%
1	131	SPAG9	100%
2	38	FAM133A	83%
3	26	cTAGE5	74%
4	24	CTAGE1	72%
5	85	MAGE-C1	70%
6	74	MAGE-A3	65%
7	98	NY-ESO-1	65%
8	62	JARID1B	60%
9	166	ZNF165	52%
10	65	Lage-1	49%
11	124	SCP3a	47%
12	28	CTNNA2	45%
13	86	MAGE-C2	37%
14	75	MAGE-A4	36%
15	135	SSX-1	31%
16	138	SSX-4	30%
17	139	SSX-5	24%
18	116	PRAME	23%
19	72	MAGE-A12	21%
20	69	MAGE-A1	20%
21	136	SSX-2	12%
22	156	TSPY1	12%
23	123	SCP-1	11%
24	73	MAGE-A2	11%
25	79	MAGE-A9	9%
26	68	LIPI	6%
27	4	ADAM2	6%
28	148	TEX14	5%
29	80	MAGE-B1	5%
30	105	PAGE2	4%
31	132	SPAN-Xc	4%
32	137	SSX-3	4%
33	83	MAGE-B4	3%
34	70	MAGE-A10	0%
黑色素瘤			
#	AG ID NO	抗原	%
1	62	JARID1B	100%
2	140	Survivin	96%
3	116	PRAME	90%
4	87	MART1	89%
5	157	TYR	87%
6	54	gp100	82%
7	132	SPAN-Xc	70%
8	77	MAGE-A6	65%
9	179	KIF20A	64%
10	151	TMEM31	63%
11	73	MAGE-A2	62%
12	74	MAGE-A3	60%
13	119	RAGE-1	60%
14	171	CCDC110	60%
15	71	MAGE-A11	54%
16	161	XAGE-1b	50%
17	72	MAGE-A12	49%
18	63	KOC1	46%
19	85	MAGE-C1	45%
20	70	MAGE-A10	45%
21	86	MAGE-C2	45%
67	135	SSX-1	2%
68	139	SSX-5	2%
69	85	MAGE-C1	1%
70	121	SAGE1	1%
71	149	TEX15	0%
72	145	TDRD1	0%
73	142	TAF7L	0%
74	137	SSX-3	0%
75	134	SPO11	0%
76	104	PAGE1	0%
77	88	MORC1	0%
78	81	MAGE-B2	0%
79	80	MAGE-B1	0%
80	68	LIPI	0%
81	44	FTHL17	0%
82	33	DKKL1	0%
83	20	CRISP2	0%
84	10	BAGE-1	0%
85	4	ADAM2	0%
86	10	BAGE-1	0%
87	4	ADAM2	0%
淋巴瘤			
#	AG ID NO	抗原	%
1	123	SCP-1	39%
2	74	MAGE-A3	17%
3	138	SSX-4	16%
4	136	SSX-2	16%
5	59	HOM-TES-85	14%
6	85	MAGE-C1	13%
7	98	NY-ESO-1	11%
8	69	MAGE-A1	9%
9	135	SSX-1	6%
10	156	TSPY1	0%
11	86	MAGE-C2	0%
儿科癌			
#	AG ID NO	抗原	%
1	37	EPHA2	100%
2	77	MAGE-A6	80%
3	135	SSX-1	76%
4	74	MAGE-A3	76%
5	116	PRAME	75%
6	122	SART3	73%
7	138	SSX-4	67%
8	73	MAGE-A2	60%
9	61	IL13RA2	58%
10	160	XAGE-1	53%
11	136	SSX-2	44%
12	69	MAGE-A1	44%
13	98	NY-ESO-1	42%
14	75	MAGE-A4	41%
15	72	MAGE-A12	41%
16	86	MAGE-C2	40%
17	85	MAGE-C1	39%
18	70	MAGE-A10	33%
19	164	XAGE-2	14%
20	65	Lage-1	7%
肾癌			
#	AG ID NO	抗原	%
1	19	CDCA1	100%
2	131	SPAG9	88%
3	17	CALR3	80%
4	66	LDHC	57%
5	36	EpCAM	55%
6	79	MAGE-A9	55%
7	111	PIWIL1	52%
8	112	PIWIL2	49%
9	107	PAGE5	44%
10	116	PRAME	40%
11	140	Survivin	40%
12	119	RAGE-1	37%
13	149	TEX15	33%
14	74	MAGE-A3	27%
15	68	LIPI	25%
16	18	CCDC62	25%

[0484]

38	123	SCP-1	14%
39	129	SP17	13%
40	85	MAGE-C1	13%
41	134	SPO11	12%
42	75	MAGE-A4	11%
43	59	HOM-TES-85	10%
44	27	CTCFL	9%
45	39	FAM46D	8%
46	84	MAGE-B6	6%
47	136	SSX-2	4%
48	138	SSX-4	4%
49	98	NY-ESO-1	4%
50	65	Lage-1	2%
51	153	TRAG-3	0%
52	152	TPTE	0%
53	187	SSX-7	0%
54	139	SSX-5	0%
55	137	SSX-3	0%
56	135	SSX-1	0%
57	121	SAGE1	0%
58	87	MART1	0%
59	83	MAGE-B4	0%
60	81	MAGE-B2	0%
61	80	MAGE-B1	0%
62	30	CXorf61	0%
63	21	CT45	0%
64	14	BRDT	0%
65	80	MAGE-B1	0%
66	30	CXorf61	0%
67	21	CT45	0%
68	14	BRDT	0%

肝细胞癌

#	AG ID NO	抗原	%
1	19	CDCA1	100%
2	129	SP17	87%
3	159	WT1	86%
4	2	ACRBP	70%
5	135	SSX-1	69%
6	63	KOC1	66%
7	109	PBK	64%
8	81	MAGE-B2	61%
9	132	SPAN-Xc	60%
10	146	TEKT5	60%
11	60	IGFS11	60%
12	69	MAGE-A1	56%
13	27	CTCFL	55%
14	140	Survivin	54%
15	166	ZNF165	52%
16	131	SPAG9	52%
17	171	CCDC110	50%
18	7	AKAP-3	50%
19	40	FATE1	49%
20	138	SSX-4	48%
21	80	MAGE-B1	47%
22	136	SSX-2	46%
23	78	MAGE-A8	45%
24	36	EpCAM	41%
25	115	PLAC1	41%
26	111	PIWIL1	40%
27	31	DBPC	40%
28	16	CAGE1	39%
29	152	TPTE	39%
30	86	MAGE-C2	37%
31	139	SSX-5	37%
32	65	Lage-1	36%
33	77	MAGE-A6	36%
34	72	MAGE-A12	36%
35	71	MAGE-A11	36%
36	156	TSPY1	35%
37	74	MAGE-A3	34%
38	160	XAGE-1	33%
39	62	JARID1B	29%
40	153	TRAG-3	26%
41	123	SCP-1	25%
42	73	MAGE-A2	25%

22	108	PASD1	44%
23	17	CALR3	44%
24	66	LDHC	44%
25	163	XAGE-1d	43%
26	98	NY-ESO-1	37%
27	69	MAGE-A1	37%
28	136	SSX-2	35%
29	65	Lage-1	35%
30	75	MAGE-A4	30%
31	162	XAGE-1c	29%
32	39	FAM46D	28%
33	149	TEX15	27%
34	27	CTCFL	27%
35	10	BAGE-1	26%
36	154	TSGA10	25%
37	135	SSX-1	25%
38	76	MAGE-A5	25%
39	33	DKKL1	25%
40	11	BAGE-2	23%
41	107	PAGE5	22%
42	81	MAGE-B2	22%
43	142	TAF7L	21%
44	138	SSX-4	21%
45	80	MAGE-B1	19%
46	88	MORC1	19%
47	55	HAGE	17%
48	51	GASZ	17%
49	123	SCP-1	16%
50	164	XAGE-2	14%
51	12	BAGE-3	14%
52	164	XAGE-2	14%
53	12	BAGE-3	14%
54	79	MAGE-A9	12%
55	78	MAGE-A8	10%
56	13	BAGE-5	9%
57	95	NXF2	8%
58	160	XAGE-1	7%
59	134	SPO11	6%
60	20	CRISP2	6%
61	139	SSX-5	5%
62	121	SAGE1	5%
63	4	ADAM2	3%
64	165	XAGE-3	0%
65	145	TDRD1	0%
66	68	LIPI	0%
67	64	KU-CT-1	0%
68	44	FTHL17	0%
69	168	ATAD2	0%

胃癌

#	AG ID NO	抗原	%
1	140	Survivin	100%
2	35	DPPA2	100%
3	171	CCDC110	100%
4	36	EpCAM	90%
5	7	AKAP-3	89%
6	60	IGFS11	88%
7	30	CXorf61	80%
8	16	CAGE1	77%
9	111	PIWIL1	76%
10	155	TSP50	57%
11	1	5T4	52%
12	63	KOC1	52%
13	31	DBPC	50%
14	103	OIP5	48%
15	108	PASD1	44%
16	168	ATAD2	43%
17	146	TEKT5	40%
18	17	CALR3	40%
19	74	MAGE-A3	37%
20	73	MAGE-A2	31%
21	69	MAGE-A1	31%
22	70	MAGE-A10	30%
23	75	MAGE-A4	24%
24	138	SSX-4	23%
25	29	CXorf48	21%

17	63	KOC1	22%
18	75	MAGE-A4	17%
19	20	CRISP2	14%
20	64	KU-CT-1	13%
21	130	SPAG1	11%
22	69	MAGE-A1	11%
23	31	DBPC	10%
24	4	ADAM2	9%
25	123	SCP-1	8%
26	73	MAGE-A2	7%
27	55	HAGE	6%
28	156	TSPY1	5%
29	121	SAGE1	5%
30	72	MAGE-A12	4%
31	98	NY-ESO-1	2%
32	136	SSX-2	2%
33	65	Lage-1	2%
34	70	MAGE-A10	1%
35	145	TDRD1	0%
36	142	TAF7L	0%
37	139	SSX-5	0%
38	138	SSX-4	0%
39	137	SSX-3	0%
40	135	SSX-1	0%
41	134	SPO11	0%
42	95	NXF2	0%
43	88	MORC1	0%
44	85	MAGE-C1	0%
45	81	MAGE-B2	0%
46	80	MAGE-B1	0%
47	77	MAGE-A6	0%
48	44	FTHL17	0%
49	42	FMR1NB	0%
50	33	DKKL1	0%
51	14	BRDT	0%
52	10	BAGE-1	0%
53	2	ACRBP	0%

头颈癌

#	AG ID NO	抗原	%
1	140	Survivin	91%
2	171	CCDC110	67%
3	116	PRAME	61%
4	77	MAGE-A6	58%
5	81	MAGE-B2	45%
6	79	MAGE-A9	44%
7	75	MAGE-A4	42%
8	160	XAGE-1	40%
9	135	SSX-1	40%
10	74	MAGE-A3	40%
11	45	GAGE-1	39%
12	73	MAGE-A2	38%
13	71	MAGE-A11	37%
14	72	MAGE-A12	34%
15	63	KOC1	29%
16	138	SSX-4	29%
17	86	MAGE-C2	29%
18	29	CXorf48	27%
19	69	MAGE-A1	23%
20	145	TDRD1	22%
21	55	HAGE	20%
22	98	NY-ESO-1	20%
23	121	SAGE1	17%
24	136	SSX-2	17%
25	85	MAGE-C1	15%
26	70	MAGE-A10	12%
27	165	XAGE-3	12%
28	123	SCP-1	12%
29	103	OIP5	12%
30	18	CCDC62	12%
31	65	Lage-1	11%
32	20	CRISP2	11%
33	149	TEX15	11%
34	142	TAF7L	10%
35	44	FTHL17	10%
36	49	GAGE-7	9%

[0485]

43	29	CXorf48	25%
44	154	TSGA10	20%
45	85	MAGE-C1	20%
46	59	HOM-TES-85	19%
47	98	NY-ESO-1	17%
48	70	MAGE-A10	15%
49	188	TDRD4	14%
50	130	SPAG1	11%
51	75	MAGE-A4	7%
52	79	MAGE-A9	5%
53	18	CCDC62	0%

甲状腺癌			
#	AG ID NO	抗原	%
1	159	WT1	97%
2	112	PIWIL2	88%
3	36	EpCAM	83%
4	131	SPAG9	78%
5	63	KOC1	65%
6	116	PRAME	60%
7	140	Survivin	53%
8	108	PASD1	25%
9	66	LDHC	25%
10	85	MAGE-C1	22%
11	74	MAGE-A3	22%
12	95	NXF2	20%
13	55	HAGE	20%
14	69	MAGE-A1	17%
15	51	GASZ	13%
16	129	SP17	10%
17	73	MAGE-A2	9%
18	39	FAM46D	8%
19	136	SSX-2	8%
20	98	NY-ESO-1	7%
21	65	Lage-1	4%
22	70	MAGE-A10	2%
23	157	TYR	0%
24	149	TEX15	0%
25	145	TDRD1	0%
26	142	TAF7L	0%
27	139	SSX-5	0%
28	138	SSX-4	0%
29	137	SSX-3	0%
30	135	SSX-1	0%
31	134	SPO11	0%
32	123	SCP-1	0%
33	121	SAGE1	0%
34	119	RAGE-1	0%
35	92	NKX3.1	0%
36	88	MORC1	0%
37	87	MART1	0%
38	86	MAGE-C2	0%
39	75	MAGE-A4	0%
40	44	FTHL17	0%
41	33	DKKL1	0%
42	20	CRISP2	0%
43	1	5T4	0%
44	1	5T4	0%

26	116	PRAME	21%
27	123	SCP-1	14%
28	65	Lage-1	14%
29	135	SSX-1	13%
30	98	NY-ESO-1	12%
31	39	FAM46D	11%
32	153	TRAG-3	10%
33	86	MAGE-C2	10%
34	166	ZNF165	9%
35	161	XAGE-1b	9%
36	121	SAGE1	8%
37	21	CT45	8%
38	18	CCDC62	7%
39	95	NXF2	6%
40	85	MAGE-C1	6%
41	41	FBXO39	4%
42	136	SSX-2	3%
43	40	FATE1	2%
44	156	TSPY1	0%
45	152	TPTE	0%
46	139	SSX-5	0%
47	132	SPAN-Xc	0%
48	81	MAGE-B2	0%
49	80	MAGE-B1	0%
50	51	GASZ	0%
51	19	CDCA1	0%
52	2	ACRBP	0%

宫颈癌			
#	AG ID NO	抗原	%
1	112	PIWIL2	100%
2	1	5T4	100%
3	16	CAGE1	98%
4	140	Survivin	92%
5	8	AKAP-4	86%
6	66	LDHC	83%
7	111	PIWIL1	83%
8	131	SPAG9	82%
9	63	KOC1	68%
10	129	SP17	61%
11	108	PASD1	58%
12	51	GASZ	50%
13	98	NY-ESO-1	42%
14	39	FAM46D	37%
15	36	EpCAM	36%
16	179	KIF20A	35%
17	134	SPO11	33%
18	33	DKKL1	33%
19	27	CTCFL	32%
20	65	Lage-1	26%
21	75	MAGE-A4	23%
22	138	SSX-4	20%
23	19	CDCA1	18%
24	69	MAGE-A1	17%
25	20	CRISP2	17%
26	74	MAGE-A3	16%
27	159	WT1	5%
28	136	SSX-2	4%
29	135	SSX-1	4%
30	88	MORC1	0%
31	70	MAGE-A10	0%
32	4	ADAM2	0%

37	139	SSX-5	7%
38	130	SPAG1	7%
39	10	BAGE-1	6%
40	164	XAGE-2	6%
41	107	PAGE5	6%
42	95	NXF2	5%
43	59	HOM-TES-85	4%
44	96	NY-BR-1	2%
45	152	TPTE	0%
46	146	TEKT5	0%
47	134	SPO11	0%
48	68	LIPI	0%
49	66	LDHC	0%

食道癌			
#	AG ID NO	抗原	%
1	1	5T4	100%
2	189	TTK	97%
3	159	WT1	88%
4	36	EpCAM	81%
5	129	SP17	81%
6	75	MAGE-A4	76%
7	63	KOC1	74%
8	111	PIWIL1	70%
9	77	MAGE-A6	68%
10	140	Survivin	67%
11	74	MAGE-A3	66%
12	27	CTCFL	56%
13	79	MAGE-A9	55%
14	153	TRAG-3	55%
15	73	MAGE-A2	53%
16	69	MAGE-A1	46%
17	22	CT46	35%
18	127	SLCO6A1	33%
19	65	Lage-1	31%
20	98	NY-ESO-1	31%
21	21	CT45	28%
22	70	MAGE-A10	27%
23	55	HAGE	27%
24	72	MAGE-A12	26%
25	121	SAGE1	22%
26	19	CDCA1	22%
27	18	CCDC62	21%
28	149	TEX15	20%
29	177	HSPB9	20%
30	95	NXF2	17%
31	169	CABYR	17%
32	179	KIF20A	15%
33	23	CT47	15%
34	85	MAGE-C1	12%
35	86	MAGE-C2	11%
36	145	TDRD1	10%
37	42	FMR1NB	8%
38	138	SSX-4	7%
39	10	BAGE-1	6%
40	123	SCP-1	2%
41	142	TAF7L	0%
42	136	SSX-2	0%
43	135	SSX-1	0%
44	132	SPAN-Xc	0%
45	44	FTHL17	0%

[0486] 使用包括15,693名受试者的模型群体,其具有来自广泛种族的每一种的多至500名男性受试者和500名女性受试者。对于每个受试者,可获得完整的6个HLA I类和DQ&DRB1 II类等位基因。复制HLA II类结合的数目以模拟完整基因组。

[0487] 对于15,693名受试者中的每一位,鉴定了每个TSA中的所有15mer氨基酸序列,其满足以下HLA结合标准:(i)预测与受试者的至少四个HLA II类等位基因结合(HLA II类结合性PEPI4+);和(ii)包含预测结合受试者的至少三种HLA I类的9mer氨基酸序列(HLAI类结合性PEPI3+);.

[0488] 在每个TSA的氨基酸序列中鉴定热点,其中热点是20mer,其包括满足15,693受试者群体中最大受试者数的HLA结合标准的15mer。热点分析在图15中示出。

[0489] 热点分析再重复29个循环，或直到不再能鉴定到满足HLA结合标准的序列。根据制造可行性标准筛选热点序列。拒绝任何含有半胱氨酸残基或计算亲水性小于33％的热点序列，而选择下一最大受试者数的包含满足HLA结合标准的15mer的不同热点序列。

[0490] 在每个循环中，排除对于在任何先前循环中选择的任何热点序列而言HLA结合标准得到满足的受试者。这样，对于每个循环，选择的热点最大化群体中已经选择热点序列的受试者的数目，预测所述热点序列诱导CD4+和CD8+T细胞应答。在每个循环中选择的热点序列和其是片段的TSA示于表25中。总共选择3286个热点序列。图16示出了192CTA上的热点序列选择的分布。

[0491] 表25A热点序列和对应的TAA

循环	SEQ ID NO	序列	源抗原 [抗原中的氨基酸位点]	循环	SEQ ID NO	序列	源抗原 [抗原中的氨基酸位点]
1	1	PTSSASSFSSSAPFLASAVS	5T4 [34,53]	11	1394	AESMYGDFQEAMTHLQHKLI	FAM46D [204,223]
1	2	VESTPMIMENIQELIRSAQE	ACRBP [275,294]	11	1395	VAQTSLEEFNVLEMEVMRRQ	FATE1 [121,140]
1	3	LNWEGVQYLWSFVLENHRRE	ACTL8 [73,92]	11	1396	KYRKLIESELSYFVIVYSVM	FBXO39 [423,442]
1	4	PHNFRVYSYSGTGIMKPLDQ	ADAM2 [67,86]	11	1397	STEPGSFKVDTASNLNSGKE	FSIP1 [35,54]
1	5	RIVEIVVVIDNYLYIRYERN	ADAM29 [198,217]	11	1398	LENFFRYFLRLSDDKMEHAQ	FTHL17 [49,68]
1	6	RETFMNKFIYEIARRHPFLY	AFP [155,174]	11	1399	PVNSQKITLEWASPQNFTSV	GASZ [382,401]
1	7	DEVSFYANRLTNLVIAMARK	AKAP-3 [122,141]	11	1400	NRPLIKPKRRLSAARRAGTS	GATA-3 [298,317]
1	8	IDDLSFYVNRLSSLVIQMAH	AKAP-4 [214,233]	11	1401	EAFEIVVRHAKNYTNAMFKN	Glypican-3 [113,132]
1	9	RTKKELASALKSALSGHLET	ANXA2 [78,97]	11	1402	QLHDPSGYLAEADLSYTWDF	gp100 [243,262]
1	10	ARAVFLALSAQLLQARLMKE	BAGE-1 [3,22]	11	1403	IPEELVSMAERFKAHQQKRE	HAGE [613,632]
1	11	GVVFLALSAQLLQARLMKEE	BAGE-2 [4,23]; BAGE-3 [4,23]	11	1404	KQQTDIAVNWAGGLHHAKKS	HDAC1 [126,145]
1	12	GAVFLALSAQLLQARLMKEE	BAGE-5 [4,23]	11	1405	HNLLLNYGLYRKMEIYRPHK	HDAC2 [40,59]
1	13	NQEYKDAYKFAADVRLMFMN	BRDT [328,347]	11	1406	RFHSEDYIDFLQRVSPTNMQ	HDAC3 [60,79]
1	14	PSNINQFAAAYFQELTMYRG	CABYR [30,49]	11	1407	TLVVTANRGSSPQVMSRSNG	IGFS11 [371,390]
1	15	KRASQLASKMHSLLALMVGL	CAGE1 [608,627]	11	1408	IRSSYFTFQLQNIVKPLPPV	IL13RA2 [223,242]
1	16	QTTQNGRFYAISARFKPFSN	CALR3 [67,86]	11	1409	RDYTLRTFGEMADAFKSDYF	JARID1B [375,394]
1	17	SPASELIAIQDSHSLGSSKS	CCDC62 [566,585]	11	1410	EEIPLKILAHNNFVGRLIGK	KOC1 [275,294]
1	18	AKRTSRFLSGIINFIHFREA	CDCA1 [114,133]	11	1411	GGLKKLLSFAENSTIPDIQK	KU-CT-1 [274,293]
1	19	EGKDPAFTALLTTQLQVQRE	CRISP2 [20,39]	11	1412	DLQHGSLFFSTSKITSGKDY	LDHC [64,83]
1	20	QGPTAVRKRFFESIIKEAAR	CT45 [152,171]	11	1413	VKNTRKVAVSLSVHIKNLLK	LIPI [147,166]
1	21	ATAQLQRTPMSALVFPNKIS	CT46 [2,21]	11	1414	KVLEYVIKVSARVRFFFPSL	MAGE-A1 [278,297]
1	22	LDMVHSLLHRLSHNDHILIE	CT47 [124,143]	11	1415	TSLGLTYDGMLSDVQSMPKT	MAGE-A10 [205,224]
1	23	GNNFIQNFYLPQNYIDQFLL	CTAGE1 [22,41]	11	1416	SFSQDILHDKIIDLVHLLLR	MAGE-A11 [216,235]
1	24	FAVLFLWRSFRSVTSRLYVR	CTAGE2 [24,43]	11	1417	APEEKIWEELSVLEASDGRE	MAGE-A12 [216,235]
1	25	FAVLFFLWRSFRSVRSRLYV	cTAGE5 [53,72]	11	1418	ELVHFLLLKYRAREPVTKAE	MAGE-A2 [115,134]; MAGE-A3 [115,134]
1	26	HTRFTQSGTMKIHILQKHGE	CTCFL [404,423]	11	1419	ESAGPPQSPQGASALPTTIS	MAGE-A4 [58,77]
1	27	KKNATMLYTASQAFLRHPDV	CTNNA2 [214,233]	11	1420	GSVVGNWQYFFPVIFSKASD	MAGE-A6 [137,156]
1	28	NEDNIYISNSIYFSIAIVSE	CXorf48 [122,141]	11	1421	TKAEMLESVIKNYKNHFPDI	MAGE-A8 [134,153]
1	29	NTGEMSSNSTALALVRPSSS	CXorf61 [27,46]	11	1422	EPRKLLTQDWVQENYLEYRQ	MAGE-A9 [240,259]
1	30	PPPFFYRRRFVRGPRPPNQQ	DBPC [225,244]	11	1423	MLMHFILRKYKMREPIMKAD	MAGE-B1 [114,133]
1	31	SRVLHGYAAQQLPSLLKERE	DCAF12 [64,83]	11	1424	FGLELNKVNPNGHTYTFIDK	MAGE-B2 [164,183]
1	32	NLLRGIDSLFSAPMDFRGLP	DKKL1 [63,82]	11	1425	SKMKVLEFWAKVNKTVPSAF	MAGE-B3 [284,303]
1	33	IAERQRVMAAQVALRRQQAQ	DMRT1 [108,127]	11	1426	FRKVSQRTELVFGLALKEVN	MAGE-B4 [151,170]
1	34	GKKIEVYLRLHRHAYPEQRQ	DPPA2 [113,132]	11	1427	SASQKAIIFKRLSKDAVKKK	MAGE-B6 [179,198]
1	35	SERVRTYWIIIELKHKAREK	EpCAM [136,155]	11	1428	LQIPVSPSSSSTLLSLFQSF	MAGE-C1 [233,252]
1	36	KGWDLMQNIMNDMPIYMYSV	EPHA2 [50,69]	11	1429	KDYFPVILKRAREFMELLFG	MAGE-C2 [175,194]
1	37	KRDNRVAYMNPIAMARWRGP	FAM133A [3,22]	11	1430	NDVLAMKRSSSLPSWKSLLN	MORC1 [759,778]
1	38	RRQFEFSVDSFQIVLDPMLD	FAM46D [166,185]	11	1431	AFTKLNNASSRSHSIFTVKI	MPHOSPH1 [340,359]
1	39	GENQEHLVIAEMMELGSRSR	FATE1 [26,45]	11	1432	RRKNYGQLDIFPARDTYHPM	MUC-1 [1187,1206]
1	40	EHLEVKFMNPYNAVLTKKFQ	FBXO39 [90,109]	11	1433	RAHLAKNLKLTETQVKIWFQ	NKX3.1 [154,173]
1	41	SGSSYFVLANGHILPNSENA	FMR1NB [92,111]	11	1434	EKLDAFFGFQLSQEIKQQIH	NLRP4 [513,532]
1	42	ISDTKDYFMSKTLGIGRLKR	FSIP1 [515,534]	11	1435	QSYSLIHQLLSAEDLEPLGT	NR6A1 [249,268]
1	43	GWESGLVAMESAFHLEKNVN	FTHL17 [93,112]	11	1436	YLKGELLRRTKRDIVDSLSA	NXF2 [454,473]
1	44	EEMRSHYVAQTGILWLLMNN	GAGE-1 [109,128]	11	1437	SLVEKTPDEAASLVEGTSDK	NY-BR-1 [263,282]
1	45	SRGKSTYYWPRPRRYVQPPE	GAGE-3 [4,23]	11	1438	KPAELSRGRGILIFSDFKDF	NYD-TSPG [212,231]
1	46	WRGRSTYYWPRPRRYVQPPE	GAGE-6 [3,22]; GAGE-7 [3,22]	11	1439	EAARRQFQSQLADLQQLPDI	ODF2 [583,602]
1	47	EKFKKAMTIGDVSLVQELLD	GASZ [48,67]	11	1440	LTPGPGDYFPEKSTKYVFDS	ODF3 [99,118]
1	48	ALSRHMSSLSHISPFSHSSH	GATA-3 [396,415]	11	1441	PFQWRITHSFRWMAQVLASE	ODF4 [67,86]
1	49	EFVGEFFTDVSLYILGSDIN	Glypican-3 [143,162]	11	1442	SVHLAWDLSRSLGAVVFSRV	OIP5 [90,109]
1	50	DGGNKHFLRNQPLTFALQLH	gp100 [226,245]	11	1443	EHGDSSAYENVKFIVNVRDI	PASD1 [118,137]
1	51	RLNDLQMSNFVNLKNITYLV	HAGE [375,394]	11	1444	GTGVNVYLMKRSPRGLSHSP	PBK [41,60]
1	52	KPHRIRMTHNLLLNYGLYRK	HDAC1 [31,50]; HDAC2 [32,51]	11	1445	TEADRVIQRTNSMQQLEQWI	PEPP2 [399,418]
1	53	TIFENLKMLNHAPSVQIHDV	HDAC3 [361,380]	11	1446	KRVNTRFFAQSGGRLQNPLP	PIWIL1 [742,761]
1	54	KKVNFLDMSLDDIIIYKELE	HOM-TES-85 [21,40]	11	1447	AGPIGMRMSPPAWVELKDDR	PIWIL2 [629,648]
1	55	LINLNVIWMVTPLSNANQPE	IGFS11 [52,71]	11	1448	HDIVNRQKSIAGFVASTNAE	PIWIL3 [657,676]

[0492]

[0493]

1	56	PIRSSYFTFQLQNIVKPLPP	IL13RA2 [222,241]	11	1449	LNKWYKYNHDLPARIIVYRA	PIWIL4 [674,693]
1	57	KLRYRYTLDDLYPMMNALKL	JARID1B [731,750]	11	1450	KKLKIFAMPMQDIKMILKMV	PRAME [211,230]
1	58	PDESWALKAIEALSGKIELH	KOC1 [45,64]	11	1451	YSEELFPEELSVVLGTNDLT	PRSS55 [111,130]
1	59	IQNHDIMHAIISPLRSANTV	KU-CT-1 [435,454]	11	1452	EENSRLLQERGVAYINADSS	PSMA [436,455]
1	60	PDSRLLQLHITMPFSSPMEA	Lage-1 [83,102]	11	1453	YELIRGRRYPLSEKKIMHYM	RAGE-1 [90,109]
1	61	QRNVAIMKSIIPAIVHYSPD	LDHC [111,130]	11	1454	RPRRINMTDTGISPMSTRDP	SAGE1 [226,245]
1	62	SEELNIILQGNIILSTEKSK	LEMD1 [67,86]	11	1455	AIVEAARLEKVHSLFRRQLA	SART3 [237,256]
1	63	QKYSAHAFQFSPRNVLWLLV	LIPI [12,31]	11	1456	DSDPALQKVNFLPVLEQVGN	SCP-1 [63,82]
1	64	VKVLEYVIKVSARVRFFFPS	MAGE-A1 [277,296]	11	1457	DVIEGKTAVIEKRRKKRSSA	SCP3a [41,60]
1	65	DDTTAMASASSSATGSFSYP	MAGE-A10 [349,368]	11	1458	VAFPPRAKDGLVVFGKNSAR	SCRN1 [11,30]
1	66	DPTSHSYVLVTSLNLSYDGI	MAGE-A11 [283,302]	11	1459	EAQNKELKTQVALSSETPRT	se57-1 [289,308]
1	67	ALSRKMAELVHFLLLKYRAR	MAGE-A12 [108,127]	11	1460	SSGISFQSKYLSFFILGQTV	SLCO6A1 [219,238]
1	68	GREDSVFAHPRKLLMQDLVQ	MAGE-A2 [233,252]	11	1461	MITQLISLREQLLAAHDEQK	SOX-6 [194,213]
1	69	FPVIFSKASSSLQLVFGIEL	MAGE-A3 [147,166]	11	1462	DLNKVILLDPSIIEAKMELE	SPAG1 [713,732]
1	70	VNARVRIAYPSLREAALLEE	MAGE-A4 [294,313]	11	1463	GGSGAVMSERVSGLAGSIYR	SPAG9 [14,33]
1	71	KSPQGASAIPTAIDFTLWRQ	MAGE-A5 [63,82]	11	1464	FLPITSSDIDVVESEAVSVL	SPATA19 [20,39]
1	72	KKLLTQYFVQENYLEYRQVP	MAGE-A6 [243,262]	11	1465	ILSTSKGLIAGNLRYIEEDG	SPO11 [170,189]
1	73	RAPEEAIWEALSVMGLYDGR	MAGE-A8 [218,237]	11	1466	YMKRKYEAMTKLGFKAILPS	SSX-3 [50,69]
1	74	PAQLEFMFQEALKLKVAELV	MAGE-A9 [97,116]	11	1467	QKVGSLEPRVEVLINRINEV	SYCE1 [44,63]
1	75	DNPSGHTYTLVSKLNLTNDG	MAGE-B1 [168,187]	11	1468	TVRNLARSQSVKMKDKLKID	TAF7L [113,132]
1	76	SSDPPRFQFLWGPRAYAETS	MAGE-B2 [265,284]	11	1469	EVHIVRNGGTSMMVENMAVR	TAG-1 [997,1016]
1	77	LIMKTNMLVQFLMEMYKMKK	MAGE-B3 [111,130]	11	1470	KLVENSLSISNPGLFTSLGP	TDRD1 [144,163]
1	78	SSSVLRDTASSSLAFGIPQE	MAGE-B4 [42,61]	11	1471	TLKLRLRETQDTLQLLVMTK	TEKT5 [428,447]
1	79	PQILNRTSQHLVVAFGVELK	MAGE-B6 [234,253]	11	1472	SREFTNAYKLPLAVGPPSLN	TEX14 [781,800]
1	80	RPVSSFFSYTLASLLQSSHE	MAGE-C1 [777,796]	11	1473	FRQPIFSQYASHQPLPQATY	TEX15 [2742,2761]
1	81	ATVMASESLSVMSSNVSFSE	MAGE-C2 [354,373]	11	1474	PSSRILQLSKPKAPATLLEE	THEG [264,283]
1	82	EPVVPNAPPAYEKLSAEQSP	MART1 [94,113]	11	1475	DLKIQIEMEKKVVFSTISLG	TPTE [430,449]
1	83	RSQAGMFIYSNNRLIKMHEK	MORC1 [363,382]	11	1476	KVLKSERDKIFLLYEQAQEE	TSGA10 [55,74]
1	84	EIYNEYIYDLFVPVSSKFQK	MPHOSPH1 [277,296]	11	1477	GAGEAPGALSTADPADQSVQ	TSP50 [39,58]
1	85	GVSFFFLSFHISNLQFNSSL	MUC-1 [1039,1058]	11	1478	YEVEAYRRRHHNSSLNFFNW	TSPY1 [241,260]
1	86	VQPTQKQQKHRLFHWQANSE	NA17-A [45,64]	11	1479	YRNGDFFISSKDLGYDYSYL	TYR [433,452]
1	87	EEAFSRASLVSVYNSYPYYP	NKX3.1 [202,221]	11	1480	ERRFSRSDQLKRHQRRHTGV	WT1 [361,380]
1	88	SLLRKKMLPEASLLIAIKPV	NLRP4 [263,282]	11	1481	FINHQIIYAGEKNHQYGKSF	ZNF165 [307,326]
1	89	IERLIYLYHKFHQLKVSNEE	NR6A1 [369,388]	12	1482	LADLSPFAFSGSNASVSAPS	5T4 [154,173]
1	90	QSQGSVLAFTRTFIATPGSS	NXF2 [510,529]	12	1483	PKFHSESLSSNPSSFAPRVR	ACRBP [254,273]
1	91	KRASQYSGQLKVLIAENTML	NY-BR-1 [1103,1122]	12	1484	WLGASVVAHLSTYQSEWMSR	ACTL8 [338,357]
1	92	WTLSRFFSYLRSWDVDDLLL	NYD-TSPG [322,341]	12	1485	WRVLFLLSGLGGLRMDSNFD	ADAM2 [2,21]
1	93	KEFTVSGNILTIRLTAADHR	NY-ESO-1 [124,143]	12	1486	VIDNYLYIRYERNDSKLLED	ADAM29 [205,224]
1	94	DEKRELAKLRRTTNRILASS	ODF1 [100,119]	12	1487	KGEEELQKYIQESQALAKRS	AFP [396,415]
1	95	ADKDLYVAEALSTLESWRSR	ODF2 [428,447]	12	1488	QKATDIMDAMLRKLYNVMFA	AKAP-3 [368,387]
1	96	EKSTKYVFDSAPSHSISART	ODF3 [109,128]	12	1489	LAKDLIVSALKLIQYHLTQQ	AKAP-4 [540,559]
1	97	NSPLPFQWRITHSFRWMAQV	ODF4 [63,82]	12	1490	VPHLQKVFDRYKSYSPYDML	ANXA2 [222,241]
1	98	ADSVHLAWDLSRSLGAVVFS	OIP5 [88,107]	12	1491	YNPPDHEVVTMARMLQDVFE	BRDT [351,370]
1	99	MGFLRRLIYRRRPMIYVESS	PAGE1 [1,20]	12	1492	DQAPEVTLQADIEVMSTVHI	CABYR [274,293]
1	100	GPDMEAFQQELALLKIEDEP	PAGE2 [65,84]	12	1493	KEAQEQEFLSLQEEFQKLEK	CAGE1 [477,496]
1	101	RGDGQEAPDVVAFVAPGESQ	PAGE4 [12,31]	12	1494	SGKINRHEHYFNQFHRRNEL	CALR3 [365,384]
1	102	GTDVEAFQQELALLKIEDAP	PAGE5 [84,103]	12	1495	EKQDYKQKLKALKIEVNKLK	CCDC62 [204,223]
1	103	NHPVRFLQAQPIVPVQRAAE	PASD1 [599,618]	12	1496	EEQEEFKQLSDGIQELQQSL	CDCA1 [175,194]
1	104	RYKASQDPFPAAIILKVALN	PBK [130,149]	12	1497	ALQKKYLRMVVLAVYTNPED	CT46 [88,107]
1	105	KEMELWMKAMLDAALVQTEP	PEPP2 [254,273]	12	1498	LSGPAELRSFNMPSLDKMDG	CTAGE2 [603,622]; cTAGE5 [634,653]
1	106	QYAHKLAFLVGQSIHREPNL	PIWIL1 [833,852]	12	1499	AEAKMTFKIFQMNEERLKIA	cTAGE5 [188,207]
1	107	RSVVGFVASINLTLTKWYSR	PIWIL2 [755,774]	12	1500	FRQKQLLNAHFRKYHDANFI	CTCFL [523,542]
1	108	QKSIAGFVASTNAELTKWYS	PIWIL3 [663,682]	12	1501	QPFEENEFIDASRLVYDGVR	CTNNA2 [602,621]
1	109	RTLNKQGMMMSIATKIAMQM	PIWIL4 [580,599]	12	1502	GDYGMIDESIYFSSDVVTGN	CXorf48 [48,67]
1	110	KAVSQDMVIYSTEIHYSSKG	PLAC1 [85,104]	12	1503	SRDILNNFPHSIARQKRILV	CXorf61 [63,82]
1	111	RLDQLLRHVMNPLETLSITN	PRAME [312,331]	12	1504	AIKRNNPRKFLRSVGDGETV	DBPC [125,144]
1	112	KNTPGIYTSLVNYNLWIEKV	PRSS55 [279,298]	12	1505	GAVSLDGYFHLWKAENTLSK	DCAF12 [268,287]
1	113	SNPIVLRMMNDQLMFLERAF	PSMA [656,675]	12	1506	DAQESSLGLTGLQSLLQGFS	DKKL1 [37,56]
1	114	TKFKQSRAMNFDFPFKKGSG	RAGE-1 [227,246]	12	1507	GISHPIPLPSAAELLVKREN	DMRT1 [132,151]
1	115	GSTGFSSRLAATQDLPFIHQ	RCAS1 [123,142]	12	1508	LVISRKKRMAKYEKAEIKEM	EpCAM [286,305]
1	116	PPAFINMAATGVSSMSTRDQ	SAGE1 [602,621]	12	1509	GVPFRTVSEWLESIKMQQYT	EPHA2 [903,922]
1	117	KDSITVFVSNLPYSMQEPDT	SART3 [701,720]	12	1510	MSEIRFTNLTWDQVITLDQV	FAM46D [1,20]
1	118	NNNIEKMITAFEELRVQAEN	SCP-1 [215,234]	12	1511	AVNRRLRALEEQGATWRHRE	FATE1 [143,162]
1	119	KLNQEYSQQFLTLFQQWDLD	SCP3a [120,139]	12	1512	VESAVWYVKKFGRYLEHLEV	FBXO39 [75,94]
1	120	RRHELYKAHEWARAIIESDQ	SCRN1 [343,362]	12	1513	KHNQDFIKRNIELAKESRNP	FSIP1 [249,268]
1	121	TSELKTEGVSPYLMLIRLRK	se57-1 [316,335]	12	1514	TSYLYLSMAFYFNRDDVALE	FTHL17 [31,50]
1	122	QSSGISFQSKYLSFFILGQT	SLCO6A1 [218,237]	12	1515	SKDQQKILAALKELQVEEIQ	GASZ [320,339]
1	123	KERQLSTMITQLISLREQLL	SOX-6 [187,206]	12	1516	GPLSVYPPASSSSLSGGHAS	GATA-3 [128,147]
1	124	PDNIPAFAAAYFESLLEKRE	SP17 [32,51]	12	1517	EELVNGMYRIYDMENVLLGL	Glypican-3 [304,323]
1	125	EKDPSLVYQHLLYLSKAERF	SPAG1 [863,882]	12	1518	QVSLKVSNDGPTLIGANASF	gp100 [65,84]
1	126	RDAVKFFVAVPGQVISPQSS	SPAG9 [1223,1242]	12	1519	TRNDWRVASELINILERANQ	HAGE [592,611]
1	127	KKMKTSESSTILVVRYRRNV	SPAN-Xc [40,59]	12	1520	QLSTGGSVASAVKLNKQQTD	HDAC1 [111,130]
1	128	TRIQFIRWSHTRIFQVPSEM	SPATA19 [112,131]	12	1521	SDEYIKFLRSIRPDNMSEYS	HDAC2 [70,89]
1	129	AEIQALTFLSSDYLSRVYLP	SPO11 [368,387]	12	1522	EDYIDFLQRVSPTNMQGFTK	HDAC3 [64,83]
1	130	RIQVEHPQMTFGRLHRIIPK	SSX-1 [91,110]	12	1523	TESVSHFSDLGQSFSFHSGN	IGFS11 [332,351]

[0494]

1	131	VERPQMTFGRLQGISPKIMP	SSX-2 [94,113]	12	1524	LVTATVENETYTLKTTNETR	IL13RA2 [283,302]
1	132	QRPQMTFGRLQGIFPKIMPK	SSX-3 [95,114]	12	1525	PARRAKRMRAEAMNIKIEPE	JARID1B [227,246]
1	133	SEKIVYVYMKLNYEVMTKLG	SSX-4 [43,62]	12	1526	KKIRESYENDIASMNLQAHL	KOC1 [345,364]
1	134	NQVEHPQMTFGRLQGIFPKI	SSX-5 [92,111]	12	1527	KSDNEEVREAAALALANLTT	KU-CT-1 [366,385]
1	135	EFEETAKKVRRAIEQLAAMD	Survivin [123,142]	12	1528	AIGLSVMDLVGSILKNLRRV	LDHC [251,270]
1	136	LFLRSQEAAATVQLFQEEHR	SYCE1 [229,248]	12	1529	KPPYSRLDYTDAKFVDVIHS	LIPI [213,232]
1	137	ESGQYRANEGTSSIVMEIQK	TAF7L [377,396]	12	1530	IFGKASESLQLVFGIDVKEA	MAGE-A1 [143,162]
1	138	GADAQYFVYSNESVRPYTPF	TAG-1 [765,784]	12	1531	SSPSVVASLPLDQSDEGSSS	MAGE-A10 [92,111]
1	139	RGLPASTLSRLSNRLLLRLE	TAG-2a [35,54]	12	1532	QNWVQEKYLVYRQVPGTDPA	MAGE-A11 [361,380]
1	140	SSEVLEYMNQLSASLKETYA	TDRD1 [285,304]	12	1533	QEGPSTFPDLETSFQVALSR	MAGE-A12 [92,111]
1	141	LPGYRYLNSWRPSLFYKIAN	TEKT5 [41,60]	12	1534	DLESEFQAAISRKMVELVHF	MAGE-A2 [100,119]
1	142	LSQFWEFSETTASTVSTTLH	TEX101 [120,139]	12	1535	VGNWQYFFPVIFSKASSSLQ	MAGE-A3 [140,159]
1	143	RLLKAGVISAQNIYSFGFGK	TEX14 [193,212]	12	1536	LEHVVRVNARVRIAYPSLRE	MAGE-A4 [288,307]
1	144	GKINQNYASIITEAFPKPKD	TEX15 [368,387]	12	1537	VGNWQYFFPVIFSKASDSLQ	MAGE-A6 [140,159]
1	145	VSRAAQMAVPSSRILQLSKP	THEG [255,274]	12	1538	AASSSSTLIMGTLEEVTDSG	MAGE-A8 [38,57]
1	146	SSDRTINLLEVLPWPTEWIF	TMEM31 [63,82]	12	1539	EEPSSSVDPAQLEFMFQEAL	MAGE-A9 [89,108]
1	147	DLDLTYVTERIIAMSFPSSG	TPTE [236,255]	12	1540	ETTKMKVLEFLAKMNGATPR	MAGE-B1 [279,298]
1	148	RKDQGFLEKEFYHKTNIKMR	TRAG-3 [14,33]	12	1541	AETSKMKVLEFLAKVNGTTP	MAGE-B2 [281,300]
1	149	EELQKVQFEKVSALADLSST	TSGA10 [492,511]	12	1542	LKKPQRALSTTTSVDVSYKK	MAGE-B3 [62,81]
1	150	VIMHSRYRAQRFWSWVGQAN	TSP50 [186,205]	12	1543	TTAMTSAYSRATSSSSSQPM	MAGE-B4 [327,346]
1	151	KIMLFFRSNPYFQNKVITKE	TSPY1 [200,219]	12	1544	RTSQHLVVAFGVELKEMDSS	MAGE-B6 [239,258]
1	152	HNRESYMVPFIPLYRNGDFF	TYR [420,439]	12	1545	PLQSPVISFSSSTSLSPFSE	MAGE-C1 [850,869]
1	153	RGKKGAATKMAAVTAPEAES	VCX [50,69]	12	1546	EEEEEASSASSTLYLVFSPS	MAGE-C2 [34,53]
1	154	NKRYFKLSHLQMHSRKHTGE	WT1 [331,350]	12	1547	ERSQRSQIANITTVWRAQPT	MORC1 [668,687]
1	155	VGILHLGSRQKKIRIQLRSQ	XAGE-1 [13,32]; XAGE-1b [13,32]; XAGE-1c [92,111]	12	1548	VQQIQSNYDIAIAELHVQKS	MPHOSPH1 [933,952]
1	156	SRQKKIRIQLRSQVLGREMR	XAGE-1d [20,39]	12	1549	DVSVSDVPFPFSAQSGAGVP	MUC-1 [1138,1157]
1	157	MSWRGRSTYRPRPRRSLQPP	XAGE-2 [1,20]	12	1550	LSSELGDLEKHSSLPALKEE	NKX3.1 [184,203]
1	158	MIWRGRSTYRPRPRRSVPPP	XAGE-3 [1,20]	12	1551	YISEMLLRNKSVRYLDLSAN	NLRP4 [798,817]
1	159	KSFKSPKLAKHAAVFSGDKT	ZNF165 [324,343]	12	1552	EELHRFSDEGMEVIERLIYL	NR6A1 [356,375]
2	160	ELASNHFLYLPRDVLAQLPS	5T4 [216,235]	12	1553	VTIPYGIKYDKAWLMNSIQS	NXF2 [127,146]
2	161	SHKTPFVSPLLASQSLSIGN	ACRBP [399,418]	12	1554	ESLDQKLFQLQSKNMWLQQQ	NY-BR-1 [1261,1280]
2	162	NFSVWLGASVVAHLSTYQSE	ACTL8 [334,353]	12	1555	YWRTSSFRMTEHNSVKPWQQ	NYD-TSPG [124,143]
2	163	EANELLHTFLRWKTSYLVLR	ADAM2 [242,261]	12	1556	ELSKSMESMRGHLQAQLRSK	ODF2 [337,356]
2	164	IKVKKLLFSKHLPVFTYTDQ	ADAM29 [67,86]	12	1557	PINIWIFELERNVSIPIGWS	ODF4 [163,182]
2	165	SGEKNIFLASFVHEYSRRHP	AFP [344,363]	12	1558	GGTERAIDQASFTTSMEWDT	OIP5 [22,41]
2	166	SEGIMTYANSVVSDMMVSIM	AKAP-3 [282,301]	12	1559	GPPDPQAFQGPAAYQPDQMR	PASD1 [735,754]
2	167	DQVNIDYLMNRPQNLRLEMT	AKAP-4 [161,180]	12	1560	PINMEELDESYQKVIELFSV	PBK [280,299]
2	168	STPPSAYGSVKAYTNFDAER	ANXA2 [18,37]	12	1561	YSPQRTYRSEVSSPIQRGDV	PEPP2 [556,575]
2	169	QLLQARLMKEESPVVSWRLE	BAGE-1 [13,32]; BAGE-2 [13,32]; BAGE-3 [13,32]; BAGE-5 [13,32]	12	1562	APLISVKPLDNWLLIYTRRN	PIWIL1 [485,504]
2	170	TALDVHFVSTLEPLSNAVKR	BAGE-2 [37,56]; BAGE-3 [37,56]	12	1563	DIPLKQLMVIGMDVYHDPSR	PIWIL2 [733,752]
2	171	KEMLAKKHFSYAWPFYNPVD	BRDT [281,300]	12	1564	KRINTRFFLKHGSNFQNPPP	PIWIL3 [763,782]
2	172	AKYSSVYMEAEATALLSDTS	CABYR [372,391]	12	1565	DYPKIIKVQENPAAFVRAIQ	PIWIL4 [518,537]
2	173	ENHPKSMTMMPALFKENRND	CAGE1 [756,775]	12	1566	DVMHLSQSPSVSQLSVLSLS	PRAME [338,357]
2	174	FSNKGKTLVIQYTVKHEQKM	CALR3 [84,103]	12	1567	FKRANMDNDIALLLLASPIK	PRSS55 [148,167]
2	175	TVFGEKSVITLSSIFTKDLV	CCDC62 [385,404]	12	1568	PRRTILFASWDAEEFGLLGS	PSMA [412,431]
2	176	TLSFPRYNVAEIVIHIRNKI	CDCA1 [3,22]	12	1569	IGEGTFSEVMKMQSLRDGNY	RAGE-1 [10,29]
2	177	PTSWSSAIQSWYDEILDFVY	CRISP2 [104,123]	12	1570	RKQDNVLSNVLSGLINMAGA	SAGE1 [451,470]
2	178	SPSYQKRQRMALLARKQGAG	CT45 [24,43]	12	1571	PIPESVIQNYNKALQQLEKY	SART3 [276,295]
2	179	DALQKKYLRMVVLAVYTNPE	CT46 [87,106]	12	1572	FVPPRSSSSQVSAVKPQTLG	SCP-1 [10,29]
2	180	EEGNEAANFDLAVVARRYPA	CT47 [97,116]	12	1573	RKRLEMYTKASLKTSNQKIE	SCP3a [89,108]
2	181	FLFGGNNFIQNFYLPQNYID	CTAGE1 [18,37]	12	1574	RPRDEVQEVVYFSAADHEPE	SCRN1 [30,49]
2	182	ALKKLIHAAKLNASLKTLEG	CTAGE2 [282,301]; cTAGE5 [312,331]	12	1575	NLVQRMEKEKRTLLERKLSL	se57-1 [193,212]
2	183	MFTSSRMSSFNRHMKTHTSE	CTCFL [263,282]	12	1576	IRFGGFRKRKKAKSSVSKKP	SLCO6A1 [59,78]
2	184	SSDSSMLDSATSLIQAAKNL	CTNNA2 [853,872]	12	1577	QAFPDMHNSNISKILGSRWK	SOX-6 [641,660]
2	185	RNGVIDYTIFFTLDSVKLPD	CXorf48 [188,207]	12	1578	EKHLQALAPESRALRKDKPA	SPAG1 [62,81]
2	186	DLSRDILNNFPHSIARQKRI	CXorf61 [61,80]	12	1579	GLAGSIYREFERLIGRYDEE	SPAG9 [26,45]
2	187	DKPVLAIQVLGTVKWFNVRN	DBPC [86,105]	12	1580	IQDIITSLARNEAPAFTIDN	SPO11 [55,74]
2	188	GQGSLLFYDIRAQRFLEERL	DCAF12 [358,377]	12	1581	KGERPGAAHQAGPDVLIGQE	SYCE1 [313,332]
2	189	TELHPRVAFWIIKLPRRRSH	DKKL1 [161,180]	12	1582	VIESLRTLDKKTFYKTADIS	TAF7L [159,178]
2	190	SDSTYYSSFYQPSLFPYYNN	DMRT1 [205,224]	12	1583	PGNISWTFSSSSLSIKWDPV	TAG-1 [916,935]
2	191	MLASWARIAARAVQPKALNS	DPPA2 [185,204]	12	1584	SLSISNPGLFTSLGPPLRST	TDRD1 [149,168]
2	192	PGQTLIYYVDEKAPEFSMQG	EpCAM [244,263]	12	1585	QFTDTNLAFNARISEVTDVK	TEKT5 [334,353]
2	193	DLAPDTTYLVQVQALTQEGQ	EPHA2 [496,515]	12	1586	KILKKGIYVDAVNSLGQTAL	TEX14 [41,60]
2	194	EKEKDVRSLSKKRKKSYPDD	FAM133A [168,187]	12	1587	SNAAIQIASATMPALSLNND	TEX15 [598,617]
2	195	KNLELKFVSSLRRQFEFSVD	FAM46D [155,174]	12	1588	SRRVEELSRPKRFYLEYYNN	THEG [191,210]
2	196	EVMRRQLYAVNRRLRALEEQ	FATE1 [135,154]	12	1589	SSGRQSFYRNPIKEVVRFLD	TPTE [253,272]
2	197	NLKVNFFFERIMKYERLARI	FBXO39 [282,301]	12	1590	TERDVAFTDLRRMTTERDSL	TSGA10 [103,122]
2	198	QSLEEDSALEALLNFFFPTT	FMR1NB [114,133]	12	1591	FWSWVGQANDIGLLKLKQEL	TSP50 [197,216]
2	199	KLQELSAASPTISSFSPRLE	FSIP1 [326,345]	12	1592	KVITKEYLVNITEYRASHST	TSPY1 [214,233]

[0495]

2	200	LELYTSYLYLSMAFYFNRDD	FTHL17 [27,46]	12	1593	ASPLTGIADASQSSMHNALH	TYR [348,367]
2	201	MSWRGRSTYRPRPRRYVEPP	GAGE-1 [1,20]; GAGE-2 [1,20]; GAGE-8 [1,20]	12	1594	AQFPNHSFKHEDPMGQQGSL	WT1 [169,188]
2	202	MNLSRGKSTYYWPRPRRYVQ	GAGE-3 [1,20]	12	1595	DQSFKWNSDFINHQIIYAGE	ZNF165 [298,317]
2	203	MSWRGRSTYYWPRPRRYVQP	GAGE-6 [1,20]; GAGE-7 [1,20]	13	1596	GYHYRYEINADPRLTNLSSN	5T4 [398,417]
2	204	DREKDHIFSSYTAFGDLEVF	GASZ [263,282]	13	1597	SGWLQTEFLSFQDGDFPTKI	ACRBP [457,476]
2	205	GLYYKLHNINRPLTMKKEGI	GATA-3 [343,362]	13	1598	GSRVELTPMQRVAPEMFFSP	ACTL8 [243,262]
2	206	ELIQKLKSFISFYSALPGYI	Glypican-3 [390,409]	13	1599	VNLMQKNFLPHNFRVYSYSG	ADAM2 [58,77]
2	207	VLMAVVLASLIYRRRLMKQD	gp100 [605,624]	13	1600	FQGILQINDFAYEIKPLAFS	ADAM29 [123,142]
2	208	SATWPHSVHRLAQSYLKEPM	HAGE [427,446]	13	1601	LIFLLNFTESRTLHRNEYGI	AFP [9,28]
2	209	GAGKGKYYAVNYPLRDGIDD	HDAC1 [215,234]	13	1602	PPSKKSFFYKEVFESRNGDY	AKAP-3 [234,253]
2	210	GAGKGKYYAVNFPMRDGIDD	HDAC2 [216,235]	13	1603	SSGKPIPASVVLKRVLLRHT	AKAP-4 [356,375]
2	211	QEAFYLTDRVMTVSFHKYGN	HDAC3 [178,197]	13	1604	VNILTNRSNAQRQDIAFAYQ	ANXA2 [57,76]
2	212	MASFRKLTLSEKVPPNHPSR	HOM-TES-85 [1,20]	13	1605	PDSQQQYNVVKTVKVTEQLR	BRDT [255,274]
2	213	QVQGTVTIRNISALSSGLYQ	IGFS11 [195,214]	13	1606	KTTSGMSKKSVESVKLAQLE	CABYR [350,369]
2	214	QLQNIVKPLPPVYLTFTRES	IL13RA2 [231,250]	13	1607	SNLYLEKRVKELQMKITKQQ	CAGE1 [329,348]
2	215	RGHYERILNPYNLFLSGDSL	JARID1B [172,191]	13	1608	KMKNTDYLTQYDLSEFENIG	CALR3 [279,298]
2	216	YENDIASMNLQAHLIPGLNL	KOC1 [351,370]	13	1609	APGHMSDVEWMSIFKPSKMQ	CCDC62 [525,544]
2	217	ATVLTNMAMQEPLRLNIQNH	KU-CT-1 [419,438]	13	1610	RYNVAEIVIHIRNKILTGAD	CDCA1 [8,27]
2	218	GAVLKDFTVSGNLLFMSVRD	Lage-1 [120,139]	13	1611	KTRSGKVFQNKMANGNQPVK	CT46 [333,352]
2	219	WAIGLSVMDLVGSILKNLRR	LDHC [250,269]	13	1612	SETRASLYPPTLLEGPLRLS	CTAGE2 [498,517]
2	220	LPSTRKLYEKKLVQLLVSPP	LEMD1 [27,46]	13	1613	SETRAFLSPPTLLEGPLRLS	cTAGE5 [529,548]
2	221	AQFYNDFVNISSIGLTYFQS	LIPI [409,428]	13	1614	QLLAERTKEQLFFVETMSGD	CTCFL [190,209]
2	222	VSARVRFFFPSLREAALREE	MAGE-A1 [286,305]	13	1615	GAIRGRAARVIHIINAEMEN	CTNNA2 [541,560]
2	223	LESVIRNYEDHFPLLFSEAS	MAGE-A10 [161,180]	13	1616	GLINSNTDNNLAVYDLSRDI	CXorf61 [47,66]
2	224	YAGREHFLFGEPKRLLTQNW	MAGE-A11 [344,363]	13	1617	LHKRKRLPPVKRSLVYYLKN	DCAF12 [33,52]
2	225	SVIRNFQDFFPVIFSKASEY	MAGE-A12 [138,157]	13	1618	LFSAPMDFRGLPGNYHKEEN	DKKL1 [71,90]
2	226	PDLESEFQAAISRKMVELVH	MAGE-A2 [99,118]	13	1619	VENTPDLVSDSTYYSSFYQP	DMRT1 [197,216]
2	227	VVGNWQYFFPVIFSKASSSL	MAGE-A3 [139,158]	13	1620	YQLDPKFITSILYENNVITI	EpCAM [174,193]
2	228	ETSYVKVLEHVVRVNARVRI	MAGE-A4 [281,300]; MAGE-A8 [283,302]	13	1621	AGMKYLANMNYVHRDLAARN	EPHA2 [725,744]
2	229	ESVFRAALSKKVADLIHFLL	MAGE-A5 [102,121]	13	1622	WSLISLSNNTGKNLELKFVS	FAM46D [144,163]
2	230	VVGNWQYFFPVIFSKASDSL	MAGE-A6 [139,158]	13	1623	KAAGSASAKRVWNMTATRPK	FATE1 [57,76]
2	231	DGREHSVYWKLRKLLTQEWV	MAGE-A8 [235,254]	13	1624	FYFKIWAFLDVSFVERILKS	FBXO39 [369,388]
2	232	AHAETSYEKVINYLVMLNAR	MAGE-A9 [276,295]	13	1625	SKTLGIGRLKRPSFLDDPLY	FSIP1 [524,543]
2	233	TEEEIWKFMNVLGAYDGEEH	MAGE-B1 [216,235]	13	1626	EHMTDLLKERDITLRHLLTM	GASZ [289,308]
2	234	QFLWGPRAYAETSKMKVLEF	MAGE-B2 [272,291]	13	1627	YGNSVRATVQRYPPTHHGSQ	GATA-3 [64,83]
2	235	TNKKKVSFSSPLILGATIQK	MAGE-B3 [33,52]	13	1628	SLQVTRIFLQALNLGIEVIN	Glypican-3 [222,241]
2	236	SLTRKTKMLVQFLLYKYKMK	MAGE-B4 [108,127]	13	1629	VLPDGQVIWVNNTIINGSQV	gp100 [96,115]
2	237	GPRAYAETTKMRVLRVLADS	MAGE-B6 [360,379]	13	1630	ALKSHFVGAVIGRGGSKIKN	HAGE [73,92]
2	238	NPASSFFSSALLSIFQSSPE	MAGE-C1 [130,149]	13	1631	SDDYIKFLRSIRPDNMSEYS	HDAC1 [69,88]
2	239	SSASSTLYLVFSPSSFSTSS	MAGE-C2 [40,59]	13	1632	QLSTGGSVAGAVKLNRQQTD	HDAC2 [112,131]
2	240	NAPPAYEKLSAEQSPPPYSP	MART1 [99,118]	13	1633	NHAPSVQIHDVPADLLTYDR	HDAC3 [370,389]
2	241	DDPQKFAMELSIIYKYSPFK	MORC1 [159,178]	13	1634	QPEQVILYQGGQMFDGAPRF	IGFS11 [69,88]
2	242	YEQANLNMANSIKFSVWVSF	MPHOSPH1 [256,275]	13	1635	QHRAQQLLSSGNLKFVQDRV	JARID1B [1263,1282]
2	243	NIKFRPGSVVVQLTLAFREG	MUC-1 [1091,1110]	13	1636	LENFTLKVAYIPDEMAAQQN	KOC1 [144,163]
2	244	HRLFHWQANSERADIPASLR	NA17-A [54,73]	13	1637	AAEADGIDPLINLLSSKRDG	KU-CT-1 [394,413]
2	245	PQKRSRAAFSHTQVIELERK	NKX3.1 [123,142]	13	1638	LKDLADELALVDVALDKLKG	LDHC [41,60]
2	246	GINNVSFSGQSVLLFEVLFY	NLRP4 [673,692]	13	1639	DMNVIVVDWSRGATTFIYNR	LIPI [126,145]
2	247	IPHLFSYSGHSPLLPQQARS	NR6A1 [226,245]	13	1640	GEPRKLLTQDLVQEKYLEYR	MAGE-A1 [233,252]
2	248	QEMVQAFSAQSGMKLEWSQK	NXF2 [573,592]	13	1641	QSETQGLEGAQAPLAVEEDA	MAGE-A10 [19,38]
2	249	SVVAKLLSHGAVIEVHNKAS	NY-BR-1 [97,116]	13	1642	LLLRKYRVKGLITKAEMLGS	MAGE-A11 [232,251]
2	250	NAEDWNLYWRTSSFRMTEHN	NYD-TSPG [117,136]	13	1643	TKAEMLGSVIRNFQDFFPVI	MAGE-A12 [131,150]
2	251	AMPFATPMEAELARRSLAQD	NY-ESO-1 [93,112]	13	1644	KPEEGLEARGEALGLVGAQA	MAGE-A2 [11,30]
2	252	LRPSLRSLERKAIRAIEDEK	ODF1 [83,102]	13	1645	EEGPSTFPDLESEFQAALSR	MAGE-A3 [92,111]; MAGE-A6 [92,111]
2	253	GDGPYSTFLTSSPIRSRSPP	ODF2 [809,828]	13	1646	EEGVEAQEEALGLVGAQAPT	MAGE-A4 [13,32]
2	254	DVRVTKFKAPQYTMAARVEP	ODF3 [189,208]	13	1647	PAHLESLFREALDEKVAELV	MAGE-A8 [101,120]
2	255	LGQDGRLLSSTLSLSSNRSL	ODF4 [39,58]	13	1648	KEPVTKAEMLESVIKNYKRY	MAGE-A9 [126,145]
2	256	RSLGAVVFSRVTNNVVLEAP	OIP5 [99,118]	13	1649	GEPRKFITQDLVQEKYLKYE	MAGE-B1 [239,258]
2	257	NDQESSQPVGSVIVQEPTEE	PAGE2 [16,35]	13	1650	GEPWKLITKDLVQEKYLEYK	MAGE-B2 [242,261]
2	258	MSARVRSRSRGRGDGQEAPD	PAGE4 [1,20]	13	1651	QSRTDPLIMKTNMLVQFLME	MAGE-B3 [105,124]
2	259	RGNDQESSQPVGPVIVQQPT	PAGE5 [33,52]	13	1652	AREEEIWEFLNMLGIYDGKR	MAGE-B4 [215,234]
2	260	SSQRKLNWIPSFPTYDYFNQ	PASD1 [16,35]	13	1653	TKMRVLRVLADSSNTSPGLY	MAGE-B6 [368,387]
2	261	LTLWEMMTLSIPHINLSNDD	PBK [235,254]	13	1654	STFEGFAQSSLQIPVSPSFS	MAGE-C1 [258,277]
2	262	GWEEAYTFEGARYYINHNER	PEPP2 [61,80]	13	1655	SEEVIWEVLNAVGVYAGREH	MAGE-C2 [245,264]
2	263	NSLIQNLFKVTPAMGMQMRK	PIWIL1 [509,528]	13	1656	KLREILLYFFPEHQLPSELE	MORC1 [824,843]
2	264	LVGRNFYDPTSAMVLQQHRL	PIWIL2 [338,357]	13	1657	QQHVPFRESKLTHYFQSFFN	MPHOSPH1 [426,445]
2	265	LRYYNILFRRTFKLLDFEQV	PIWIL3 [222,241]	13	1658	ETQFNQYKTEAASRYNLTIS	MUC-1 [1118,1137]
2	266	YIPDLASRRLRIALLYSHSE	PIWIL4 [130,149]	13	1659	TTLLMKLMMAWSDNKIFRDR	NLRP4 [162,181]
2	267	GIRAKAVSQDMVIYSTEIHY	PLAC1 [81,100]	13	1660	LTVYSKQIFGELADVTAKYS	NR6A1 [333,352]
2	268	SPEKEEQYIAQFTSQFLSLQ	PRAME [277,296]	13	1661	MAATLKIIERNFPELLSLNL	NXF2 [258,277]
2	269	DFKRANMDNDIALLLLASPI	PRSS55 [147,166]	13	1662	GFHHIHEQIMEYIRKLSKNH	NY-BR-1 [193,212]
2	270	QSGAAVVHEIVRSFGTLKKE	PSMA [389,408]	13	1663	DDNLKPWLLEVNYSPALTLD	NYD-TSPG [377,396]

[0496]

2	271	VVRLSSYSSPTLQSVLGSGT	RAGE-1 [357,376]	13	1664	ELERKLEATSAQNIEFLQVI	ODF2 [668,687]
2	272	QLEPDYFKDMTPTIRKTQKI	RCAS1 [89,108]	13	1665	NRSLGQRQNSPLPFQWRITH	ODF4 [55,74]
2	273	RQFVEFTIKEAARFKKVVLI	SAGE1 [860,879]	13	1666	PSSPVAYDIISQELELMKKL	PASD1 [361,380]
2	274	KELEELRAAFTRALEYLKQE	SART3 [440,459]	13	1667	NDLIEERYKASQDPFPAAII	PBK [124,143]
2	275	QHKIAEMVALMEKHKHQYDK	SCP-1 [704,723]	13	1668	IPTSPSHGSIAAYQGYSPQR	PEPP2 [541,560]
2	276	METQQQEIASVRKSLQSMLF	SCP3a [217,236]	13	1669	KVLRSETVLDFMFNFYHQTE	PIWIL1 [272,291]
2	277	DSEFFLTTASGVSVLPQNRS	SCRN1 [268,287]	13	1670	SQVVNVRTIGQPTRLRSVAQ	PIWIL2 [696,715]
2	278	EISILQEQISHLQFVIHSQH	se57-1 [235,254]	13	1671	LLANHFRVISRPQWVAYKYN	PIWIL3 [127,146]
2	279	KKHRYLRLLPEALIRFGGFR	SLCO6A1 [46,65]	13	1672	QYDITVSDLNQPMLVSLLKK	PIWIL4 [343,362]
2	280	SEPHIKRPMNAFMVWAKDER	SOX-6 [617,636]	13	1673	RRLWGSIQSRYISMSVWTSP	PRAME [4,23]
2	281	KEEVAAVKIQAAFRGHIARE	SP17 [113,132]	13	1674	VTQLEGRPFNAEKRRTSVKQ	PRSS55 [298,317]
2	282	YYTRSISALPTVVAYNNRAQ	SPAG1 [231,250]	13	1675	RLQDFDKSNPIVLRMMNDQL	PSMA [649,668]
2	283	REEAQKMSSLLPTMWLGAQN	SPAG9 [959,978]	13	1676	KLKLSGVVRLSSYSSPTLQS	RAGE-1 [351,370]
2	284	NPLQMEEEEFMEIMVEIPAK	SPAN-Xc [78,97]	13	1677	NNQPQPSYDLSTVLPGLTYL	SAGE1 [542,561]
2	285	KGVGLPFLPITSSDIDVVES	SPATA19 [14,33]	13	1678	FRYSTSLEKHKLFISGLPFS	SART3 [792,811]
2	286	KSAQKFSLILKILSMIYKLV	SPO11 [106,125]	13	1679	MEKQKPFALFVPPRSSSSQV	SCP-1 [1,20]
2	287	EKISYVYMKRNYKAMTKLGF	SSX-1 [44,63]	13	1680	LQQSRIVQSQRLKTIKQLYE	SCP3a [161,180]
2	288	EWEKMKASEKIFYVYMKRKY	SSX-2 [36,55]	13	1681	TGEGEFNFSEVFSPVEDHLD	SCRN1 [215,234]
2	289	EKIVYVYMKRKYEAMTKLGF	SSX-3 [44,63]	13	1682	KQEDSKQLLQVNKLEKEQKL	se57-1 [148,167]
2	290	VERPQMTFGSLQRIFPKIMP	SSX-4 [94,113]	13	1683	LLPEALIRFGGFRKRKKAKS	SLCO6A1 [53,72]
2	291	EKIIYVYMKRKYEAMTKLGF	SSX-5 [44,63]	13	1684	AAASGLSPLQLQKGHVSHPQ	SOX-6 [315,334]
2	292	QPFLKDHRISTFKNWPFLEG	Survivin [11,30]	13	1685	LKNNLIEKDPSLVYQHLLYL	SPAG1 [857,876]
2	293	EPRVEVLINRINEVQQAKKK	SYCE1 [50,69]	13	1686	GQGENKMKNLPVPVYLRPLD	SPAG9 [660,679]
2	294	NLTLKNHFQSVLEQLELQEK	TAF7L [424,443]	13	1687	MLKVSRRSLHILSTSKGLIA	SPO11 [160,179]
2	295	AEDTRLFAPSIKARFPAETY	TAG-1 [231,250]	13	1688	GQDTSSQKIEDLMEMVQKLQ	SYCE1 [25,44]
2	296	NLEPLVSRDPPASASLFQDT	TAG-2a [64,83]	13	1689	VWKHGITPPLKNVRKKRFRK	TAF7L [217,236]
2	297	WAERIMFSDLRSLQLKKTME	TDRD1 [246,265]	13	1690	NPVGTVVSREAILRFGFLQE	TAG-1 [115,134]
2	298	TLQEIFQAENTIMLLERSIM	TEKT5 [363,382]	13	1691	KVLLDAGFAVGEQSMVTDKP	TDRD1 [665,684]
2	299	NDKDSLSQFWEFSETTASTV	TEX101 [115,134]	13	1692	QEQMRKLAQRIDIQMRDNRD	TEKT5 [225,244]
2	300	KSDIYSFSMIMQEILTDDIP	TEX14 [436,455]	13	1693	QAKATQFNSALFTLSSHRQG	TEX14 [875,894]
2	301	TLVELQMMMETIQFIENKKR	TEX15 [1689,1708]	13	1694	PQAKEMFIDTVISSYNIETA	TEX15 [389,408]
2	302	VTKKVVASPRIISLAKPKVR	THEG [326,345]	13	1695	NEGYDRRPLASMSLPPPKAS	THEG [349,368]
2	303	RRTPTTSSDRTINLLEVLPW	TMEM31 [57,76]	13	1696	RQQYFSDLFNILDTAIIVIL	TPTE [150,169]
2	304	SKIKKIVHSIVSSFAFGLFG	TPTE [79,98]	13	1697	KSPKSTTAHAILRRVETERD	TSGA10 [87,106]
2	305	MWMGLIQLVEGVKRKDQGFL	TRAG-3 [1,20]	13	1698	LSKADGMWPQFRTIQEKEVI	TSP50 [247,266]
2	306	RQNYSSNAYHMSSTMKPNTK	TSGA10 [650,669]	13	1699	ASAKEGTAFRMEAVQEGAAG	TSPY1 [32,51]
2	307	SSRPRLLWQTPTTQTLPSTT	TSP50 [67,86]	13	1700	FVDSIFEQWLRRHRPLQEVY	TYR [392,411]
2	308	DEDEDMLSYMVSLEVGEEKH	TSPY1 [175,194]	13	1701	PPPHSFIKQEPSWGGAEPHE	WT1 [66,85]
2	309	HNALHIYMNGTMSQVQGSAN	TYR [363,382]	13	1702	SQSSNLSQHQRIHMRENLLM	ZNF165 [466,485]
2	310	VAKKGKAVRRGRRGKKGAAT	VCX [38,57]	14	1703	THLESLHLEDNALKVLHNGT	5T4 [258,277]
2	311	PSQASSGQARMFPNAPYLPS	WT1 [117,136]	14	1704	SPISPHFTVTERQTFQPWPE	ACRBP [151,170]
2	312	KKKNQQLKVGILHLGSRQKK	XAGE-1 [5,24]; XAGE-1b [5,24]; XAGE-1c [84,103]; XAGE-1d [5,24]	14	1705	GFTKRLFRELMGDHVSSTKA	ACTL8 [306,325]
2	313	PRRSLQPPELIGAMLEPTDE	XAGE-2 [13,32]	14	1706	DFAKYIEMHVIVEKQLYNHM	ADAM2 [175,194]
2	314	GRAFNLNSHLIRHQRIHTRE	ZNF165 [406,425]	14	1707	EDLYVIVNIVDSILDVIGVK	ADAM29 [223,242]
3	315	DGRLRLARLALVLLGWVSSS	5T4 [13,32]	14	1708	KAPQLTSSELMAITRKMAAT	AFP [438,457]
3	316	RNQNPGSLLQLPHTEALLVL	ACRBP [309,328]	14	1709	ERQLNEAVGNVTPLQLLDWL	AKAP-3 [830,849]
3	317	DRKKMLEILFELLHVPSVLL	ACTL8 [110,129]	14	1710	QWKQNATDIMEAMLKRLVSA	AKAP-4 [414,433]
3	318	RRYIENIYHSKPMRWPFFLF	ADAM2 [673,692]	14	1711	KIRSEFKRKYGKSLYYYIQQ	ANXA2 [302,321]
3	319	EIKPLAFSTTFEHLVYKMDS	ADAM29 [135,154]	14	1712	KNGRLTNQLQYLQKVVLKDL	BRDT [24,43]
3	320	QKLGEYYLQNAFLVAYTKKA	AFP [420,439]	14	1713	LSGEAAEAVHSGTSVKSSSG	CABYR [451,470]
3	321	SVVSDMMVSIMKTLKIQVKD	AKAP-3 [291,310]	14	1714	SDTMNVSNLSQGVMLSHSPI	CAGE1 [33,52]
3	322	LDSQKMDMSNIVLMLIQKLL	AKAP-4 [619,638]	14	1715	GFDIKKVHVILHFKNKYHEN	CALR3 [138,157]
3	323	RDKVLIRIMVSRSEVDMLKI	ANXA2 [284,303]	14	1716	SDLQFLNFNVENSQELIQMY	CCDC62 [294,313]
3	324	QARLMKEESPVVSWRLEPED	BAGE-1 [16,35]; BAGE-2 [16,35]; BAGE-3 [16,35]; BAGE-5 [16,35]	14	1717	TYMEFLWQYKSSADKMQQLN	CDCA1 [137,156]
3	325	FVQNTLTKLLKDRRKMQTVQ	BAGE-2 [82,101]; BAGE-3 [82,101]	14	1718	TILSPKQIKTPFQKILRDKD	CT46 [239,258]
3	326	LKDLWKHSFSWPFQRPVDAV	BRDT [40,59]	14	1719	QQKLKVMTELYQENEMKLYR	CTAGE2 [349,368]
3	327	QADIEVMSTVHISSVYNDVP	CABYR [282,301]	14	1720	SEQDELMADISKRIQSLEDE	cTAGE5 [160,179]
3	328	SRLEKLLTQVRNLQFMSENE	CAGE1 [507,526]	14	1721	MSLLSIQQQEGVQVVVQQPG	CTCFL [97,116]
3	329	HLYTLILRPDLSYDVKIDGQ	CALR3 [170,189]	14	1722	GPLKNTSDVINAAKKIAEAG	CTNNA2 [733,752]
3	330	NSPTSLLIYKDAPAFNEKAS	CCDC62 [600,619]	14	1723	HAIELNPSRTLLATGGDNPN	DCAF12 [144,163]
3	331	RETYMEFLWQYKSSADKMQQ	CDCA1 [135,154]	14	1724	TLSSHLQIDKMTDNKTGEVL	DKKL1 [99,118]
3	332	GENLYMSSDPTSWSSAIQSW	CRISP2 [95,114]	14	1725	VKNSLRGLPGPYVPGQTGNQ	DMRT1 [253,272]
3	333	GQKYEKIFEMLEGVQGPTAV	CT45 [138,157]	14	1726	DVDIADVAYYFEKDVKGESL	EpCAM [206,225]
3	334	YQFKFKYTNNGPLMDFISKN	CT46 [115,134]	14	1727	ERSVGPLTRKGFYLAFQDIG	EPHA2 [167,186]
3	335	LGEEEGEQAAGLAAVPRGGS	CT47 [61,80]	14	1728	KEKLSPDIMKDAYVQKLVKV	FAM46D [118,137]
3	336	QNFYLPQNYIDQFLLTSFPT	CTAGE1 [27,46]	14	1729	FNVLEMEVMRRQLYAVNRRL	FATE1 [129,148]
3	337	LYVRREKKFAVALSGLIEEK	CTAGE2 [40,59]	14	1730	KFMNPYNAVLTKKFQVTMRG	FBXO39 [95,114]
3	338	TERLLKMKDWAAMLGEDITD	cTAGE5 [268,287]	14	1731	DIEDVTPVFPQLSRSIISKL	FSIP1 [433,452]
3	339	SEAVELQDMSLLSIQQQEGV	CTCFL [89,108]	14	1732	LREEVSTWNSRILKRTAITI	GASZ [439,458]

[0497]

3	340	SVKRGTMVRAARALLSAVTR	CTNNA2 [117,136]	14	1733	GSHHTASPWNLSPFSKTSIH	GATA-3 [104,123]
3	341	SNSIYFSIAIVSEDFVPYKG	CXorf48 [129,148]	14	1734	KVKNQLRFLAELAYDLDVDD	Glypican-3 [515,534]
3	342	IVFWKYRRFQRNTGEMSSNS	CXorf61 [16,35]	14	1735	PDASSIMSTESITGSLGPLL	gp100 [439,458]
3	343	DTKEDVFVHQTAIKRNNPRK	DBPC [114,133]	14	1736	HDVTHVYNFDFPRNIEEYVH	HAGE [554,573]
3	344	VKRSLVYYLKNREVRLQNET	DCAF12 [42,61]	14	1737	NLLLNYGLYRKMEIYRPHKA	HDAC1 [40,59]
3	345	GLTGLQSLLQGFSRLFLKGN	DKKL1 [44,63]	14	1738	LNYGLYRKMEIYRPHKATAE	HDAC2 [44,63]
3	346	MENRHAMSSQYRMHSYYPPP	DMRT1 [278,297]	14	1739	FEYFAPDFTLHPDVSTRIEN	HDAC3 [329,348]
3	347	VDDEESVILTLVPVKDDANM	DPPA2 [18,37]	14	1740	PATNVSIFINNTQLSDTGTY	IGFS11 [99,118]
3	348	VVAGIVVLVISRKKRMAKYE	EpCAM [279,298]	14	1741	QDLLDVSFEFDVELPQLAEM	JARID1B [891,910]
3	349	GIMGQFSHHNIIRLEGVISK	EPHA2 [665,684]	14	1742	RVPSFAAGRVIGKGGKTVNE	KOC1 [493,512]
3	350	NRVAYMNPIAMARWRGPTQS	FAM133A [6,25]	14	1743	SSKRDGAIANAATVLTNMAM	KU-CT-1 [408,427]
3	351	NGSVASYILASHNGISYKDL	FAM46D [64,83]	14	1744	RRVHPVSTMVKGLYGIKEEL	LDHC [268,287]
3	352	SAKRVWNMTATRPKKMGSQL	FATE1 [63,82]	14	1745	SVKDSFRDLFIPRIETILMM	LIPI [49,68]
3	353	SPQFKKTMSTFHNLVSLNLN	FBXO39 [213,232]	14	1746	DLVGFLLLKYRAREPVTKAE	MAGE-A1 [108,127]
3	354	RESLKMRVSKPFGMLMLSIW	FMR1NB [58,77]	14	1747	LYDGMEHLIYGEPRKLLTQD	MAGE-A10 [255,274]
3	355	RPGSRSSNASLEVLSTEPGS	FSIP1 [21,40]	14	1748	QAQEEDLGLVGAQALQAEEQ	MAGE-A11 [127,146]
3	356	DDVALENFFRYFLRLSDDKM	FTHL17 [45,64]	14	1749	ELVHFLLLKYRAREPFTKAE	MAGE-A12 [115,134]
3	357	RGRSTYYWPRPRRYVQPPEM	GAGE-7 [4,23]	14	1750	QSPQGASSLPTTMNYPLWSQ	MAGE-A3 [63,82]
3	358	DSGISVDSNFQYGWTPLMYA	GASZ [67,86]	14	1751	AKELVTKAEMLERVIKNYKR	MAGE-A4 [127,146]
3	359	PGLSHSYMDAAQYPLPEEVD	GATA-3 [29,48]	14	1752	DPPQSPQGASSLPTTMNYPL	MAGE-A6 [60,79]
3	360	EQLLQSASMELKFLIIQNAA	Glypican-3 [90,109]	14	1753	QENYLEYRQAPGSDPVRYEF	MAGE-A8 [255,274]
3	361	TLIGANASFSIALNFPGSQK	gp100 [76,95]	14	1754	VIFGKASEFMQVIFGTDVKE	MAGE-A9 [148,167]
3	362	DRQTVMTSATWPHSVHRLAQ	HAGE [420,439]	14	1755	VVDEKYKDHFTEILNGASRR	MAGE-B1 [137,156]
3	363	EEAFYTTDRVMTVSFHKYGE	HDAC1 [184,203]; HDAC2 [185,204]	14	1756	KSGSLVQFLLYKYKIKKSVT	MAGE-B2 [114,133]
3	364	SEYFEYFAPDFTLHPDVSTR	HDAC3 [326,345]	14	1757	NSNPARYEFLWGPRAHAETS	MAGE-B3 [265,284]
3	365	ATQRDLIATQRDLIVTQRDL	HOM-TES-85 [261,280]	14	1758	AETSKMKVLEFLAKVNDTTP	MAGE-B4 [278,297]
3	366	NQPEQVILYQGGQMFDGAPR	IGFS11 [68,87]	14	1759	EGILSGDNALPKSGLLMSLL	MAGE-B6 [273,292]
3	367	EGEDLSKKTLLRFWLPFGFI	IL13RA2 [332,351]	14	1760	SDEQGMSQNRLLILILSIIF	MAGE-C1 [989,1008]
3	368	TLDDLYPMMNALKLRAESYN	JARID1B [737,756]	14	1761	ASSTLYLVFSPSSFSTSSSL	MAGE-C2 [42,61]
3	369	QHIKQLSRFAGASIKIAPAE	KOC1 [426,445]	14	1762	KQEFLNVQEYNHLLKVMGQY	MORC1 [414,433]
3	370	DPDFSMYVYEVTKSILPITN	KU-CT-1 [720,739]	14	1763	EQEKEEIASKSALLRQIKEV	MPHOSPH1 [207,226]
3	371	HITMPFSSPMEAELVRRILS	Lage-1 [91,110]	14	1764	GSGSSTTQGQDVTLAPATEP	MUC-1 [67,86]
3	372	TSGKDYSVSANSRIVIVTAG	LDHC [78,97]	14	1765	LLQEANFHIIDNVDLVVSAY	NLRP4 [572,591]
3	373	PSKGRRWAARAPSTRITYGT	LEMD1 [111,130]	14	1766	SPGSTLSSSRSVELNGFMAF	NR6A1 [191,210]
3	374	PDKTMMDGSFSFKLLNQLGM	LIPI [367,386]	14	1767	NNKLYQLDGLSDITEKAPKV	NXF2 [279,298]
3	375	RALAETSYVKVLEYVIKVSA	MAGE-A1 [269,288]	14	1768	IPESIYQKVMEINREVEEPP	NY-BR-1 [442,461]
3	376	DEKVTDLVQFLLFKYQMKEP	MAGE-A10 [135,154]	14	1769	GRGILIFSDFKDFIFDDMYI	NYD-TSPG [219,238]
3	377	DKIIDLVHLLLRKYRVKGLI	MAGE-A11 [224,243]	14	1770	KSQVMKTRLEADEVAAQLER	ODF2 [547,566]
3	378	PDLETSFQVALSRKMAELVH	MAGE-A12 [99,118]	14	1771	QPDQMRSAEQTRLMPAEQRD	PASD1 [749,768]
3	379	PQGASSFSTTINYTLWRQSD	MAGE-A2 [65,84]	14	1772	KRSPRGLSHSPWAVKKINPI	PBK [50,69]
3	380	LSRKVAELVHFLLLKYRARE	MAGE-A3 [109,128]	14	1773	GSILLPSFQIALLTSEDHIN	PEPP2 [212,231]
3	381	TTEEQEAAVSSSSPLVPGTL	MAGE-A4 [32,51]	14	1774	GSSGIIVRLSTNHFRLTSRP	PIWIL1 [106,125]
3	382	TTEEQEAVSSSSPLVPGTLG	MAGE-A5 [32,51]	14	1775	KEITFLEYYSKNYGITVKEE	PIWIL2 [448,467]
3	383	QAALSRKVAKLVHFLLLKYR	MAGE-A6 [106,125]	14	1776	GTSLEIWLGYVTSVLQYENS	PIWIL3 [258,277]
3	384	EALDEKVAELVRFLLRKYQI	MAGE-A8 [110,129]	14	1777	VDSEATRNEWYDFYLISQVA	PIWIL4 [756,775]
3	385	VIKNYKRYFPVIFGKASEFM	MAGE-A9 [138,157]	14	1778	DSLFFLRGRLDQLLRHVMNP	PRAME [304,323]
3	386	NSDPPRYQFLWGPRAYAETT	MAGE-B1 [262,281]	14	1779	ENIKKFLYNFTQIPHLAGTE	PSMA [68,87]
3	387	FPEILKKASEGLSVVFGLEL	MAGE-B2 [149,168]	14	1780	IRGRRYPLSEKKIMHYMYQL	RAGE-1 [93,112]
3	388	YDGKKHFIFGEPRKLITQDL	MAGE-B3 [233,252]	14	1781	GSMKVKRQFVEFTIKEAARF	SAGE1 [854,873]
3	389	NSDPPRYQFLWGPRAHAETS	MAGE-B4 [262,281]	14	1782	PYEEALLQAEAPRLAEYQAY	SART3 [297,316]
3	390	GLYPHLYEDALIDEVERALR	MAGE-B6 [385,404]	14	1783	EETRQVYMDLNNNIEKMITA	SCP-1 [205,224]
3	391	EVDPDDSYVFVNTLDLTSEG	MAGE-C1 [967,986]	14	1784	IEKRRKKRSSAGVVEDMGGE	SCP3a [50,69]
3	392	GREHFVYGEPRELLTKVWVQ	MAGE-C2 [261,280]	14	1785	SQLSLTTKMDAEHPELRSYA	SCRN1 [189,208]
3	393	EDFPARWSFRAYTSVLYFNP	MORC1 [229,248]	14	1786	QDKRIENLREKVNILEAQNK	se57-1 [274,293]
3	394	ADIKKQAEIAHLYIASLPDP	MPHOSPH1 [687,706]	14	1787	TTIAFFIYKRRLNENTDFPD	SLCO6A1 [684,703]
3	395	STEKNAVSMTSSVLSSHSPG	MUC-1 [48,67]	14	1788	QQQEQIARQQQQLLQQQHKI	SOX-6 [232,251]
3	396	IWFQNRRYKTKRKQLSSELG	NKX3.1 [170,189]	14	1789	LADGNVKAFYRRALAHKGLK	SPAG1 [686,705]
3	397	QPERLLFVIDSFEELQGGLN	NLRP4 [222,241]	14	1790	EKKRSSIWQFFSRLFSSSSN	SPAG9 [546,565]
3	398	MKAINFLNQDIRGLTSASQL	NR6A1 [392,411]	14	1791	SLILKILSMIYKLVQSNTYA	SPO11 [112,131]
3	399	ASPQETQSAFSIPVSTLSSS	NXF2 [544,563]	14	1792	PDVENEVKRLLRSDAEAVST	TAF7L [259,278]
3	400	HHIHEQIMEYIRKLSKNHQN	NY-BR-1 [195,214]	14	1793	NESVRPYTPFEVKIRSYNRR	TAG-1 [775,794]
3	401	SRHTPHKTLMPYASLFQSHS	NYD-TSPG [513,532]	14	1794	LMELNGSSSQLIIMLLKNFM	TDRD1 [1060,1079]
3	402	EAELARRSLAQDAPPLPVPG	NY-ESO-1 [101,120]	14	1795	DIPQLKLVNEVFTIDDTLQT	TEKT5 [409,428]
3	403	STNRSMQNYVQFLKSSYANV	ODF2 [788,807]	14	1796	AEQEHSSKLRHPYLLQLMAV	TEX14 [294,313]
3	404	SAPSHSISARTKAFRVDSTP	ODF3 [118,137]	14	1797	LRSLLWYDETLYAELLGKPR	TEX15 [1716,1735]
3	405	RWPVDVSNRIHTSAHVMSMG	ODF4 [115,134]	14	1798	HVSDHNRLLHLARPKAQSDK	THEG [293,312]
3	406	SRVTNNVVLEAPFLVGIEGS	OIP5 [107,126]	14	1799	TTDKILIDVFDGLPLYDDVK	TPTE [458,477]
3	407	QAVPAFQGPDMEAFQQELAL	PAGE2 [58,77]	14	1800	TVEKEMKSLARKAMDTESEL	TSGA10 [174,193]
3	408	EPAAAAAAAAAISDDQIDIAE	PASD1 [227,246]	14	1801	QMTQTASDVPVLQVIMHSRY	TSP50 [173,192]
3	409	EDPKDRPSAAHIVEALETDV	PBK [303,322]	14	1802	TPIEWYPDYEVEAYRRRHHN	TSPY1 [233,252]
3	410	PTPESSTIASYVTLRKTKKM	PEPP2 [856,875]	14	1803	SQVQGSANDPIFLLHHAFVD	TYR [375,394]
3	411	QWALYQYHIDYNPLMEARRL	PIWIL1 [126,145]	14	1804	LESQPAIRNQGYSTVTFDGT	WT1 [138,157]
3	412	FYNVVFRRVMKLLDMKLVGR	PIWIL2 [322,341]	14	1805	LKPEIHTKEQILELLVLEQF	ZNF165 [78,97]
3	413	HYAHKLAYLVGQSIHQEPNR	PIWIL3 [854,873]	15	1806	ASNHFLYLPRDVLAQLPSLR	5T4 [218,237]
3	414	FERKLLFSADVSYKVLRNET	PIWIL4 [253,272]	15	1807	ALSPGKSEDVVLRWSQEFST	ACRBP [517,536]

[0498]

3	415	QEAQPLQPSHFLDISEDWSL	PLAC1 [184,203]	15	1808	QNLGEALDFRERQQSALDES	ACTL8 [216,235]
3	416	NLRRLLLSHIHASSYISPEK	PRAME [261,280]	15	1809	NFDSLPVQITVPEKIRSIIK	ADAM2 [19,38]
3	417	KNSVKTDLMKAPMVIMDWEE	PRSS55 [202,221]	15	1810	FRIVEIVVVIDNYLYIRYER	ADAM29 [197,216]
3	418	TPLMYSLVHNLTKELKSPDE	PSMA [467,486]	15	1811	KWVESIFLIFLLNFTESRTL	AFP [2,21]
3	419	EIQALRRLNPHPNILMLHEV	RAGE-1 [50,69]	15	1812	LGNGSSVDEVSFYANRLTNL	AKAP-3 [115,134]
3	420	MTPTIRKTQKIVIKKREPLN	RCAS1 [98,117]	15	1813	YSVYADQVNIDYLMNRPQNL	AKAP-4 [156,175]
3	421	NGQAASDNVFSTVPPAFINM	SAGE1 [589,608]	15	1814	LEKDIISDTSGDFRKLMVAL	ANXA2 [155,174]
3	422	KNPDFKVFRYSTSLEKHKLF	SART3 [785,804]	15	1815	GDKLGRVVHIIQSREPSLSN	BRDT [527,546]
3	423	ASLEIELSNLKAELLSVKKQ	SCP-1 [747,766]	15	1816	KVSSIHSDQSDVLMVDVATS	CABYR [182,201]
3	424	AKRKRLEMYTKASLKTSNQK	SCP3a [87,106]	15	1817	GAKLDKYHSLNEELDFLVTS	CAGE1 [688,707]
3	425	RSIFKPFIFVDDVKLVPKTQ	SCRN1 [302,321]	15	1818	KVHVILHFKNKYHENKKLIR	CALR3 [143,162]
3	426	MEDNSALYESTSAHIIEETE	se57-1 [16,35]	15	1819	ARNETLSNTLVELSAQVGQL	CCDC62 [133,152]
3	427	RVVPDKLRSLALGVSYVILR	SLCO6A1 [605,624]	15	1820	SQEIFLNLKTALEKYHDGIE	CDCA1 [419,438]
3	428	GSSLDILSSLNSPALFGDQD	SOX-6 [475,494]	15	1821	NVGEVSTPFHIFKVKVTTER	CT46 [211,230]
3	429	SSEEDKEKEEVAAVKIQAAF	SP17 [106,125]	15	1822	ATEELETYRKRAKDLKEFEK	CTAGE2 [394,413]
3	430	NRALELHPFSMKPLLRRAMA	SPAG1 [511,530]	15	1823	ELYQENEMKLHRKLTVEENY	cTAGE5 [387,406]
3	431	EDGRVQAFGWSLPQKYKQVT	SPAG9 [639,658]	15	1824	AFQDSVLEEEVELVLAPSEE	CTCFL [55,74]
3	432	ESSTILVVRYRRNVKRTSPE	SPAN-Xc [46,65]	15	1825	TVMPRFAEQVEVAIEALSAN	CTNNA2 [580,599]
3	433	EQVRRSISRLTDVSAQDFSM	SPATA19 [141,160]	15	1826	HLGTLNKVFASQWLNHRQVV	DCAF12 [85,104]
3	434	QGIRNLVTDAKFVLIVEKDA	SPO11 [208,227]	15	1827	KEALVPIQKATDSFHTELHP	DKKL1 [146,165]
3	435	WKKMKYSEKISYVYMKRNYK	SSX-1 [37,56]	15	1828	ASGALVGAASGSSAGGSSRG	DMRT1 [34,53]
3	436	EKIFYVYMKRKYEAMTKLGF	SSX-2 [44,63]	15	1829	GDQDNWLRTNWVYRGEAERI	EPHA2 [75,94]
3	437	EWEKMKVSEKIVYVYMKRKY	SSX-3 [36,55]	15	1830	ASHNGISYKDLDVIFGVELP	FAM46D [73,92]
3	438	EWEKMKSSEKIVYVYMKLNY	SSX-4 [36,55]	15	1831	ERLARILLQEIPIRSISLRS	FBXO39 [296,315]
3	439	EWEKMKASEKIIYVYMKRKY	SSX-5 [36,55]	15	1832	QGLEMRIKLWEEIKSAKYSE	FSIP1 [142,161]
3	440	TLPPAWQPFLKDHRISTFKN	Survivin [5,24]	15	1833	YAASVANAELVRVLLDRGAN	GASZ [85,104]
3	441	KNKQRQLRLAFEEQLEDLMG	SYCE1 [148,167]	15	1834	PLPDSMKLESSHSRGSMTAL	GATA-3 [189,208]
3	442	QRQKDLIMKVENLTLKNHFQ	TAF7L [413,432]	15	1835	IQNAAVFQEAFEIVVRHAKN	Glypican-3 [105,124]
3	443	DFSTKSVFSKFAQLNLAAED	TAG-1 [214,233]	15	1836	AFTITDQVPFSVSVSQLRAL	gp100 [206,225]
3	444	GGAESERGLPASTLSRLSNR	TAG-2a [29,48]	15	1837	FVNLKNITYLVLDEADKMLD	HAGE [384,403]
3	445	GDFYVQLYSSEVLEYMNQLS	TDRD1 [277,296]	15	1838	RPDNMSEYSKQMQRFNVGED	HDAC1 [80,99]; HDAC2 [81,100]
3	446	DQMWRQFTDTNLAFNARISE	TEKT5 [329,348]	15	1839	PTATQDQVQGTVTIRNISAL	IGFS11 [189,208]
3	447	MTVEADPANMFNWTTEEVET	TEX101 [34,53]	15	1840	PYKYKLRYRYTLDDLYPMMN	JARID1B [727,746]
3	448	QMAYLGSLPVIGEKEVIQAD	TEX14 [226,245]	15	1841	DQTPDENDQVVVKITGHFYA	KOC1 [526,545]
3	449	LKKSKYFISTYIDFVPYIAS	TEX15 [2172,2191]	15	1842	FHPGGLMKLRSREADLYRFI	KU-CT-1 [853,872]
3	450	TERFLEDTTLTITVPAVSRR	THEG [174,193]	15	1843	KDYSVSANSRIVIVTAGARQ	LDHC [81,100]
3	451	LYDDVKVQFFYSNLPTYYDN	TPTE [472,491]	15	1844	NDFVNISSIGLTYFQSSNLQ	LIPI [413,432]
3	452	DQVDWSRLLRDAGLVKMSRK	TRAG-3 [52,71]	15	1845	GREHSAYGEPRKLLTQDLVQ	MAGE-A1 [226,245]
3	453	MANERISMQNLEALLVANRD	TSGA10 [557,576]	15	1846	LLTQDWVQENYLEYRQVPGS	MAGE-A10 [270,289]; MAGE-A9 [244,263]
3	454	DNFYHNFTKIPTLVQIIKSQ	TSP50 [274,293]	15	1847	VGAQALQAEEQEAAFFSSTL	MAGE-A11 [136,155]
3	455	LVNITEYRASHSTPIEWYPD	TSPY1 [221,240]	15	1848	SPQGASTLPTTINYTLWSQS	MAGE-A12 [64,83]
3	456	ADASQSSMHNALHIYMNGTM	TYR [355,374]	15	1849	REPVTKAEMLGSVVGNWQYF	MAGE-A3 [127,146]; MAGE-A6 [127,146]
3	457	AVRRGRRGKKGAATKMAAVT	VCX [44,63]	15	1850	WVQENYLEYRQVPGSNPARY	MAGE-A4 [251,270]
3	458	TWNQMNLGATLKGVAAGSSS	WT1 [237,256]	15	1851	DSIFGDPKKLLTQYFVQENY	MAGE-A6 [236,255]
3	459	QTPGINLDLGSGVKVKIIPK	XAGE-1 [46,65]; XAGE-1c [125,144]; XAGE-1b [46,65]	15	1852	QIKEPVTKAEMLESVIKNYK	MAGE-A8 [128,147]
3	460	QLKVGILHLGSRQKKIRIQL	XAGE-1d [10,29]	15	1853	DGEEHLIYGEPRKFITQDLV	MAGE-B1 [231,250]
3	461	TPDQKREDDQGAAEIQVPDL	XAGE-2 [47,66]	15	1854	VNPNGHTYTFIDKVDLTDEE	MAGE-B2 [171,190]
3	462	KEQILELLVLEQFLTILPGD	ZNF165 [85,104]	15	1855	KMKKPIMKADMLKIVQKSHK	MAGE-B3 [127,146]
4	463	NSLVSLTYVSFRNLTHLESL	5T4 [244,263]	15	1856	LKIISKKYKEHFPEIFRKVS	MAGE-B4 [136,155]
4	464	EDVVLRWSQEFSTLTLGQFG	ACRBP [524,543]	15	1857	GSPDAVVSYSKSDVAANGQD	MAGE-B6 [71,90]
4	465	KTLEFAGQDLSAYLLKSLFK	ACTL8 [171,190]	15	1858	LQIPVSRSFSSTLLSIFQSS	MAGE-C1 [198,217]
4	466	RTISLESLAVILAQLLSLSM	ADAM2 [300,319]	15	1859	YTLDEKVAELVEFLLLKYEA	MAGE-C2 [139,158]
4	467	SENITPRMQHDTSHLFTTLG	ADAM29 [274,293]	15	1860	LYRPRKYLYVTSSFKGAFKD	MORC1 [268,287]
4	468	NFGTRTFQAITVTKLSQKFT	AFP [229,248]	15	1861	RKKWLEEKMMLITQAKEAEN	MPHOSPH1 [1459,1478]
4	469	DLRSVFFNFIRNLLSETIFK	AKAP-3 [589,608]	15	1862	STLVHNGTSARATTTPASKS	MUC-1 [970,989]
4	470	SDLQKYALGFQHALSPSTST	AKAP-4 [116,135]	15	1863	QELLVANFEKARRAHWIFLG	NLRP4 [481,500]
4	471	QNKPLYFADRLYDSMKGKGT	ANXA2 [264,283]	15	1864	QDFTEYKYTHQPNRFPDLMM	NR6A1 [423,442]
4	472	SEILKEMLAKKHFSYAWPFY	BRDT [277,296]	15	1865	KLESAWELGKVKGLKLEELW	NXF2 [307,326]
4	473	AYFQELTMYRGNTTMDIKDL	CABYR [39,58]	15	1866	LQRKMNVDVSSTIYNNEVLH	NY-BR-1 [1175,1194]
4	474	KITKQQVFIDVINKLKENVE	CAGE1 [343,362]	15	1867	TIYVYQEGLVRFATEKFDLS	NYD-TSPG [269,288]
4	475	RVALATVYFQEEFLDGEHWR	CALR3 [15,34]	15	1868	DSLVERLHRQTAEYSAFKLE	ODF2 [488,507]
4	476	HPSNFIIEAPGHMSDVEWMS	CCDC62 [517,536]	15	1869	LETPQDYIRLWQELSDSLGP	PASD1 [683,702]
4	477	QEKRGAVYERVTTINQEIQK	CDCA1 [381,400]	15	1870	EAVEENGVITDKADIFAFGL	PBK [216,235]
4	478	NKHNELRKAVSPPASNMLKM	CRISP2 [42,61]	15	1871	QTESAGIQRAQIQKELWRIQ	PEPP2 [747,766]
4	479	AGDSLIAGSAMSKAKKLMTG	CT45 [42,61]	15	1872	LSTNHFRLTSRPQWALYQYH	PIWIL1 [114,133]
4	480	VGEVSTPFHIFKVKVTTERE	CT46 [212,231]	15	1873	KSMRFGMLKDHQAVTGNVTA	PIWIL2 [254,273]
4	481	ENRQLSRLMVGPHAAARNLW	CT47 [143,162]	15	1874	LKFDTNFLSVPGRVLKNANI	PIWIL3 [458,477]
4	482	LTERLLKMKDGVAMLEEDVT	CTAGE2 [237,256]	15	1875	WGLHFGSQISLTGRIVPSEK	PIWIL4 [434,453]
4	483	PSSETRAFLSPPTLLEGPLR	cTAGE5 [527,546]	15	1876	PSVSQLSVLSLSGVMLTDVS	PRAME [346,365]
4	484	KSDLRVHMRNLHAYSAAELK	CTCFL [440,459]	15	1877	SVYETYELVEKFYDPMFKYH	PSMA [554,573]
4	485	ISDSFLETNVPLLVLIEAAK	CTNNA2 [388,407]	15	1878	RLNPHPNILMLHEVVFDRKS	RAGE-1 [56,75]

[0499]

4	486	RLLRLALAFYGRTADPAERQ	CXorf48 [3,22]	15	1879	TIKEAARFKKVVLIQQLEKA	SAGE1 [866,885]
4	487	PHSIARQKRILVNLSMVENK	CXorf61 [71,90]	15	1880	ELTKVRMARQKMSEIFPLTE	SART3 [127,146]
4	488	PARSQADKPVLAIQVLGTVK	DBPC [80,99]	15	1881	EELKGTEQELIGLLQAREKE	SCP-1 [458,477]
4	489	GSEWSVYAVGSQAHVSFLDP	DCAF12 [305,324]	15	1882	EGVGVDINKALLAKRKRLEM	SCP3a [75,94]
4	490	SRLSPRKTHLLYILRPSRQL	DKKL1 [223,242]	15	1883	QEESITVQTMMNTLRDKASG	SCRN1 [245,264]
4	491	SSQDSGLVSLSSSSPISNKS	DMRT1 [328,347]	15	1884	IPPRDKMEDNSALYESTSAH	se57-1 [10,29]
4	492	ERAEETNTVEVITSAPGAML	DPPA2 [167,186]	15	1885	LKTIEKLALEKSYDISSGLV	SLCO6A1 [139,158]
4	493	QKEITTRYQLDPKFITSILY	EpCAM [167,186]	15	1886	TSPTQNLFPASKTSPVNLPN	SOX-6 [441,460]
4	494	PGHQKRIAYSLLGLKDQVNT	EPHA2 [952,971]	15	1887	PGNVKALLRRATTYKHQNKL	SPAG1 [273,292]
4	495	RGPTQSVGPTIQDYLNRPRP	FAM133A [20,39]	15	1888	SIKLKDSILSIVHVKGIVLV	SPAG9 [996,1015]
4	496	LDPMLDFYSDKNAKLTKESY	FAM46D [180,199]	15	1889	LASSSEVLASIENIIQDIIT	SPO11 [41,60]
4	497	EEQGATWRHRETLIIAVLVS	FATE1 [152,171]	15	1890	QGHTSSEYDMLREMFSDSRS	TAF7L [311,330]
4	498	WRNSIRSSFISSLSFFLKKM	FBXO39 [141,160]	15	1891	LWSKGTEILVNSSRVTVTPD	TAG-1 [451,470]
4	499	RRSHRAMRVAHLELATYELA	FMR1NB [13,32]	15	1892	IKIVDILEEEVVTFAVEVEL	TDRD1 [410,429]
4	500	EEEDTFSSVFHTQIPPEEYE	FSIP1 [191,210]	15	1893	DESTSTLRPPTILPTLRSAL	TEKT5 [66,85]
4	501	LSMAFYFNRDDVALENFFRY	FTHL17 [36,55]	15	1894	GEYFYSSTAQENLALETSSP	TEX14 [1088,1107]
4	502	WPRPRRYVQPPEMIGPMRPE	GAGE-7 [11,30]	15	1895	LDKQRILTVDSFAASSTVPH	TEX15 [1354,1373]
4	503	LKERDITLRHLLTMREDEFT	GASZ [295,314]	15	1896	EDTTLTITVPAVSRRVEELS	THEG [179,198]
4	504	FPKNSSFNPAALSRHMSSLS	GATA-3 [386,405]	15	1897	AYDPKHFHNRVVRIMIDDHN	TPTE [289,308]
4	505	SMELKFLIIQNAAVFQEAFE	Glypican-3 [97,116]	15	1898	SRDVAQFRNVVTQLEADLDI	TSGA10 [610,629]
4	506	AHSSSAFTITDQVPFSVSVS	gp100 [201,220]	15	1899	TTQTLPSTTMETQFPVSEGK	TSP50 [78,97]
4	507	EEEKWSHMQTFLQSMSSTDK	HAGE [470,489]	15	1900	LVERREEAQRAQQAVPGPGP	TSPY1 [83,102]
4	508	EKIKQRLFENLRMLPHAPGV	HDAC1 [360,379]; HDAC2 [361,380]	15	1901	KNGSTPMFNDINIYDLFVWM	TYR [160,179]
4	509	WTYETSLLVEEAISEELPYS	HDAC3 [307,326]	15	1902	QRKFSRSDHLKTHTRTHTGK	WT1 [389,408]
4	510	PNHPSRKKVNFLDMSLDDII	HOM-TES-85 [15,34]	15	1903	ENSRSMPKLEIFEKIESQRI	ZNF165 [188,207]
4	511	SSDNNTLTSSNAYNSRYWSN	IGFS11 [305,324]	16	1904	HLPSLRQLDLSHNPLADLSP	5T4 [140,159]
4	512	GSETWKTIITKNLHYKDGFD	IL13RA2 [77,96]	16	1905	KEGREAVSQLQTDSEPKFHS	ACRBP [239,258]
4	513	PYSAVEKAMARLQELLTVSE	JARID1B [950,969]	16	1906	TLEFAGQDLSAYLLKSLFKE	ACTL8 [172,191]
4	514	EAQDIKFTEEIPLKILAHNN	KOC1 [267,286]	16	1907	QLYNHMGSDTTVVAQKVFQL	ADAM2 [189,208]
4	515	LLRELDVMNSVIAQLAPEEE	KU-CT-1 [103,122]	16	1908	VFTYTDQGAILEDQPFVQNN	ADAM29 [80,99]
4	516	AELVRRILSRDAAPLPRPGA	Lage-1 [102,121]	16	1909	EYSRRHPQLAVSVILRVAKG	AFP [357,376]
4	517	NLDSARFRYLIGEKLGVHPT	LDHC [164,183]	16	1910	MDTSTDPVRVLSWLRRDLEK	AKAP-3 [32,51]
4	518	LQGNIILSTEKSKKLKKWPE	LEMD1 [74,93]	16	1911	SKIASEMAYEAVELTAAEMR	AKAP-4 [268,287]
4	519	GSIPLWLQNFVRILLNEEDM	LIPI [108,127]	16	1912	ETVILGLLKTPAQYDASELK	ANXA2 [96,115]
4	520	FPEIFGKASESLQLVFGIDV	MAGE-A1 [140,159]	16	1913	DKSKLWLLKDRDLARQKEQE	BRDT [900,919]
4	521	DGMEHLIYGEPRKLLTQDWV	MAGE-A10 [257,276]	16	1914	PGTEQTEAVGGLSSKPATPK	CABYR [129,148]
4	522	EEQEAAFFSSTLNVGTLEEL	MAGE-A11 [144,163]	16	1915	PVQEDMALNEVLQKLKHTNR	CAGE1 [298,317]
4	523	QDFFPVIFSKASEYLQLVFG	MAGE-A12 [144,163]; MAGE-A2 [144,163]	16	1916	HKEKDKGLQTTQNGRFYAIS	CALR3 [59,78]
4	524	PDLESEFQAALSRKVAELVH	MAGE-A3 [99,118]	16	1917	PTLSDEKQWHDVSVYLGLTN	CCDC62 [453,472]
4	525	NKVDELAHFLLRKYRAKELV	MAGE-A4 [112,131]	16	1918	DLSDNREKLASILKESLNLE	CDCA1 [302,321]
4	526	AIPTAIDFTLWRQSIKGSSN	MAGE-A5 [70,89]	16	1919	ESSMLSTDTKKASILLIRKI	CT46 [138,157]
4	527	PDLESEFQAALSRKVAKLVH	MAGE-A6 [99,118]	16	1920	TEIEFKIKLLEKDPYGLDVP	CTAGE2 [458,477]
4	528	EEQKAASSSSTLIMGTLEEV	MAGE-A8 [34,53]	16	1921	IEEKSKLLEKFSLVQKEYEG	cTAGE5 [86,105]
4	529	QGGASSSISVYYTLWSQFDE	MAGE-A9 [62,81]	16	1922	TSGELVRHRRYKHTHEKPFK	CTCFL [324,343]
4	530	RTTATTFRARSRAPFSRSSH	MAGE-B1 [326,345]	16	1923	KKTRDLRRQLRKAVMDHISD	CTNNA2 [371,390]
4	531	PLTRKSGSLVQFLLYKYKIK	MAGE-B2 [110,129]	16	1924	PSLLKEREFHLGTLNKVFAS	DCAF12 [76,95]
4	532	EERVQAAAMLNDGSSAMGRK	MAGE-B3 [315,334]	16	1925	EHQLGNNTLSSHLQIDKMTD	DKKL1 [92,111]
4	533	RVAARRGTTAMTSAYSRATS	MAGE-B4 [320,339]	16	1926	GSSRGGGSGSGASDLGAGSK	DMRT1 [49,68]
4	534	VRREYKPYFPQILNRTSQHL	MAGE-B6 [225,244]	16	1927	LEGRSTTSLSVSWSIPPPQQ	EPHA2 [444,463]
4	535	ISRYTGYFPVIFRKAREFIE	MAGE-C1 [939,958]	16	1928	PTMEVKPKDIIHVVKDQLIG	FAM46D [34,53]
4	536	VFSPSSFSTSSSLILGGPEE	MAGE-C2 [49,68]	16	1929	RPSRVHASEVESAVWYVKKF	FBXO39 [66,85]
4	537	TSVLYFNPWMRIFIQAKRVK	MORC1 [241,260]	16	1930	FIKRNIELAKESRNPVVMVD	FSIP1 [254,273]
4	538	KFSVWVSFFEIYNEYIYDLF	MPHOSPH1 [268,287]	16	1931	TQVVALLVAHGAEVNTQDEN	GASZ [162,181]
4	539	NGGSSLSYTNPAVAAASANL	MUC-1 [1236,1255]	16	1932	KDNEISTFHNLGNVHSPLKL	Glypican-3 [545,564]
4	540	ELERKFSHQKYLSAPERAHL	NKX3.1 [138,157]	16	1933	DIVQGIESAEILQAVPSGEG	gp100 [488,507]
4	541	MQDPAFVKQAVNLLQEANFH	NLRP4 [560,579]	16	1934	GSTDNNVVAGDRPLIDWDQI	HAGE [157,176]
4	542	SSRSVELNGFMAFREQYMGM	NR6A1 [198,217]	16	1935	GSVAGAVKLNRQQTDMAVNW	HDAC2 [117,136]
4	543	IFVNHSTAPYSVKNKLKPGQ	NXF2 [194,213]	16	1936	RGSSPQVMSRSNGSVSRKPR	IGFS11 [378,397]
4	544	EKNEEIFNYNNHLKNRIYQY	NY-BR-1 [1312,1331]	16	1937	LPEIQELYQTLLAKPSPAQQ	JARID1B [1360,1379]
4	545	SNLQNNYAHLTNSSINKSGA	NYD-TSPG [288,307]	16	1938	SDLESIFKDAKIPVSGPFLV	KOC1 [16,35]
4	546	ILTIRLTAADHRQLQLSISS	NY-ESO-1 [132,151]	16	1939	SPLRSANTVVQSKAALAVTA	KU-CT-1 [446,465]
4	547	EDSERLMEQQGALLKRLAEA	ODF2 [281,300]	16	1940	QHGSLFFSTSKITSGKDYSV	LDHC [66,85]
4	548	KASQPSFSIKGRSKLGGFSD	ODF3 [155,174]	16	1941	PRLGYQAKLFKGVLKERMEG	LIPI [319,338]
4	549	RITHSFRWMAQVLASELSLV	ODF4 [71,90]	16	1942	YRQVPDSDPARYEFLWGPRA	MAGE-A1 [251,270]
4	550	THNRLKSLMKILSEVTPDQS	OIP5 [206,225]	16	1943	YRQVPGSDPARYEFLWGPRA	MAGE-A10 [283,302]
4	551	DGPDVREGIMPTFDLTKVLE	PAGE2 [86,105]	16	1944	YEFLWGPRAHAETSKMKVLE	MAGE-A11 [382,401]
4	552	EVNPLYRADPVDLEFSVDQV	PASD1 [292,311]	16	1945	ILGDPKKLLTQHFVQENYLE	MAGE-A3 [238,257]
4	553	IILKVALNMARGLKYLHQEK	PBK [142,161]	16	1946	ASESLKMIFGIDVKEVDPAS	MAGE-A4 [155,174]
4	554	DHINRKYAFKAAHPNMRTYY	PEPP2 [228,247]	16	1947	SVMGLYDGREHSVYWKLRKL	MAGE-A8 [229,248]
4	555	VTPAMGMQMRKAIMIEVDDR	PIWIL1 [518,537]	16	1948	YKMREPIMKADMLKVVDEKY	MAGE-B1 [123,142]
4	556	ESVGLVSMFRGLGIETVSKT	PIWIL2 [67,86]	16	1949	DGEEHSVFGEPWKLITKDLV	MAGE-B2 [234,253]
4	557	FGERHIFDGNSLLLSRPLKE	PIWIL3 [170,189]	16	1950	KVDSTKDSYVLVSKMDLPNN	MAGE-B3 [170,189]
4	558	ADVSYKVLRNETVLEFMTAL	PIWIL4 [261,280]	16	1951	NPTTHSYILVSMLGPNDGNQ	MAGE-B4 [170,189]
4	559	HFLDISEDWSLHTDDMIGSM	PLAC1 [193,212]	16	1952	LDEKVDELARFLLLKYQVKQ	MAGE-C1 [908,927]

[0500]

4	560	YLGQMINLRRLLLSHIHASS	PRAME [255,274]	16	1953	QATIDTADDATVMASESLSV	MAGE-C2 [345,364]
4	561	DNDIALLLLASPIKLDDLKV	PRSS55 [154,173]	16	1954	FNQIQNTYMVQYEKKIKRKL	MORC1 [866,885]
4	562	EMKTYSVSFDSLFSAVKNFT	PSMA [621,640]	16	1955	RTLDSVSQISNIDLLNLRDL	MPHOSPH1 [993,1012]
4	563	ELMDMNIYELIRGRRYPLSE	RAGE-1 [83,102]	16	1956	HNGTSARATTTPASKSTPFS	MUC-1 [974,993]
4	564	EEEEDAAWQAEEVLRQQKLA	RCAS1 [160,179]	16	1957	MAASFFSDFGLMWYLEELKK	NLRP4 [1,20]
4	565	DQPQPNNVLSTVQPVIIYLT	SAGE1 [308,327]	16	1958	LQMGMNRKAIREDGMPGGRN	NR6A1 [121,140]
4	566	TDYVEIWQAYLDYLRRRVDF	SART3 [415,434]	16	1959	DGYTRNWFKVTIPYGIKYDK	NXF2 [118,137]
4	567	DKKTQTFLLETPEIYWKLDS	SCP-1 [793,812]	16	1960	IDIHFLERKMQHHLLKEKNE	NY-BR-1 [1296,1315]
4	568	QNEFKKEMAMLQKKIMMETQ	SCP3a [201,220]	16	1961	RTTTPAFTLNIPSEANHTEQ	NYD-TSPG [19,38]
4	569	HSFQSAYLIVDRDEAWVLET	SCRN1 [151,170]	16	1962	ITPPSSEKLVSVMRLSDLST	ODF2 [91,110]
4	570	LQFVIHSQHQNLRSVIQEME	se57-1 [246,265]	16	1963	SSTVFLDTMPESPALSLQDF	PASD1 [268,287]
4	571	IIFTTIAFFIYKRRLNENTD	SLCO6A1 [681,700]	16	1964	KERPISMINEASNYNVTSDY	PEPP2 [115,134]
4	572	IGEYKQLMRSRRQEMRQFFT	SOX-6 [707,726]	16	1965	PLDNWLLIYTRRNYEAANSL	PIWIL1 [492,511]
4	573	GSKVEDRFYNNHAFEEQEPP	SP17 [61,80]	16	1966	DRIETYVRTIQSTLGAEGKI	PIWIL2 [647,666]
4	574	SMKPLLRRAMAYETLEQYGK	SPAG1 [520,539]	16	1967	DGDANSYIDTLRKYTRPTLQ	PIWIL3 [549,568]
4	575	RLDSTLRLYHAHTYQHLQDV	SPAG9 [1107,1126]	16	1968	GQLKTLIEYEVPQLLSSVAE	PIWIL4 [698,717]
4	576	TILVVRYRRNVKRTSPEELL	SPAN-Xc [49,68]	16	1969	TSPRRLVELAGQSLLKDEAL	PRAME [21,40]
4	577	RWSHTRIFQVPSEMTEDIMR	SPATA19 [118,137]	16	1970	PHLAGTEQNFQLAKQIQSQW	PSMA [81,100]
4	578	ASIENIIQDIITSLARNEAP	SPO11 [49,68]	16	1971	NFDFPFKKGSGIPLLTTNLS	RAGE-1 [236,255]
4	579	TFGRLHRIIPKIMPKKPAED	SSX-1 [100,119]	16	1972	AMSSRDLYATITHSVREEKM	SAGE1 [474,493]
4	580	AWTHRLRERKQLVIYEEISD	SSX-2 [163,182]	16	1973	AATEAPKMSNADFAKLFLRK	SART3 [944,963]
4	581	AMTKLGFKAILPSFMRNKRV	SSX-3 [57,76]	16	1974	EVEKAKVIADEAVKLQKEID	SCP-1 [681,700]
4	582	TFGSLQRIFPKIMPKKPAEE	SSX-4 [100,119]	16	1975	SGKPSVEDQFTRAYDFETED	SCP3a [12,31]
4	583	EAMTKLGFKATLPPFMRNKR	SSX-5 [56,75]	16	1976	EHPELRSYAQSQGWWTGEGE	SCRN1 [200,219]
4	584	TNNKKKEFEETAKKVRRAIE	Survivin [117,136]	16	1977	LKIKLQASREAGAAALRNVA	se57-1 [112,131]
4	585	RKAEELLAAAAQRHQQLQQK	SYCE1 [248,267]	16	1978	SGSQDEVSRGVEPLEAARAQ	SLCO6A1 [9,28]
4	586	LRTLDKKTFYKTADISQMLV	TAF7L [163,182]	16	1979	PERRKGSLADVVDTLKQKKL	SOX-6 [120,139]
4	587	WMDYEFRVIASNILGTGEPS	TAG-1 [678,697]	16	1980	DTFLLLIQSLKNNLIEKDPS	SPAG1 [848,867]
4	588	YRASVLAYASEESVLVGYVD	TDRD1 [559,578]	16	1981	NQYKERLMELQEAVRWTEMI	SPAG9 [516,535]
4	589	GFWKSELSYELDRLLTENQN	TEKT5 [149,168]	16	1982	VTDAKFVLIVEKDATFQRLL	SPO11 [214,233]
4	590	QADDEPTFSFFSGPYMVMTN	TEX14 [243,262]	16	1983	DRGSETTYESSADIAGDEGT	TAF7L [36,55]
4	591	YIEIVMVSETIHFLKNSIAK	TEX15 [2062,2081]	16	1984	GGAPGELIVNWTPMSREYQN	TAG-1 [721,740]
4	592	MPMSEVSQVSRAAQMAVPSS	THEG [247,266]	16	1985	GDGSWYRALVKEILPNGHVK	TDRD1 [775,794]
4	593	FIKHFIIYSIPRYVRDLKIQ	TPTE [415,434]	16	1986	EEAEHLFETLSDQMWRQFTD	TEKT5 [318,337]
4	594	DAGLVKMSRKPRASSPLSNN	TRAG-3 [62,81]	16	1987	QAIIQGFSYDLLKKIDSPQR	TEX14 [152,171]
4	595	LNAERSYKSQISTLHKSVVK	TSGA10 [470,489]	16	1988	LKKAHRRVHTSLQLITKVGE	TEX15 [1004,1023]
4	596	IWRDVIYSVRVGSPWIDQMT	TSP50 [156,175]	16	1989	TPVWPIPRSSLEYRASSRLK	THEG [214,233]
4	597	GEEAVLLLDDIMAEVEVVAE	TSPY1 [60,79]	16	1990	RRILFIKHFIIYSIPRYVRD	TPTE [411,430]
4	598	HYYVSMDALLGGSEIWRDID	TYR [180,199]	16	1991	LLYEQAQEEITRLRREMMKS	TSGA10 [66,85]
4	599	GAQYRIHTHGVFRGIQDVRR	WT1 [283,302]	16	1992	IMHSRYRAQRFWSWVGQAND	TSP50 [187,206]
4	600	TAITREEGGPRSGGAQAKLG	XAGE-1c [13,32]	16	1993	AVQVELEPVNAQARKAFSRQ	TSPY1 [114,133]
4	601	EGGTDVKGKILPKAEHFKMP	XAGE-2 [83,102]	16	1994	HPTNPNLLSPASFFSSWQIV	TYR [256,275]
4	602	DLERGTDEAVLQVQAHEHGQ	ZNF165 [126,145]	16	1995	GHTPSHHAAQFPNHSFKHED	WT1 [161,180]
5	603	EVRAGAFEHLPSLRQLDLSH	5T4 [132,151]	16	1996	FAESSDLTRHRRIHTGERPF	ZNF165 [381,400]
5	604	SPNTLKEIEASAEVSPTTMT	ACRBP [131,150]	17	1997	HMADMVTWLKETEVVQGKDR	5T4 [301,320]
5	605	DQLQMSLYASGLLTGVVVDS	ACTL8 [131,150]	17	1998	SQASYKIVIEGKPYTVNLMQ	ADAM2 [43,62]
5	606	SYLVLRPHDVAFLLVYREKS	ADAM2 [256,275]	17	1999	IWTNKNLIVVDDVRKSVHLY	ADAM29 [250,269]
5	607	DSEEKQFSTMRSGFMQNEIT	ADAM29 [153,172]	17	2000	ESRTLHRNEYGIASILDSYQ	AFP [17,36]
5	608	ASFVHEYSRRHPQLAVSVIL	AFP [352,371]	17	2001	VSDLIDSFLRNLHSVTGTLM	AKAP-3 [330,349]
5	609	DDFTASVSEGIMTYANSVVS	AKAP-3 [275,294]	17	2002	SIDDLSFYVNRLSSLVIQMA	AKAP-4 [213,232]
5	610	QWIAASQFNVPMLYFMGDKD	AKAP-4 [779,798]	17	2003	MKGKGTRDKVLIRIMVSRSE	ANXA2 [278,297]
5	611	RKYGKSLYYYIQQDTKGDYQ	ANXA2 [309,328]	17	2004	SATEKVFKQQEIPSVFPKTS	BRDT [166,185]
5	612	EPEDGTALDVHFVSTLEPLS	BAGE-2 [32,51]; BAGE-3 [32,51]	17	2005	PADPAQLAAQMLGKVSSIHS	CABYR [169,188]
5	613	VGTIDMTLQSDIMTMFENNF	BRDT [927,946]	17	2006	ALIQPVDTISISSLRQFETV	CAGE1 [105,124]
5	614	DQSDVLMVDVATSMPVVIKE	CABYR [189,208]	17	2007	IDQKNLNGKSQYYIMFGPDI	CALR3 [117,136]
5	615	NNIENYSTNALIQPVDTISI	CAGE1 [96,115]	17	2008	AVHQQQLLSWEEDRQKVLTL	CCDC62 [49,68]
5	616	ESGSIEYDWNLTSLKKETSP	CALR3 [192,211]	17	2009	LQQSLNQDFHQKTIVLQEGN	CDCA1 [190,209]
5	617	ELHKRTEIIRSLTKKVKALE	CCDC62 [78,97]	17	2010	LQESQKQLLQEAEVWKEQVS	CTAGE2 [188,207]
5	618	EREKLKSQEIFLNLKTALEK	CDCA1 [413,432]	17	2011	EEPGVTPQPYLGLLLEELRR	cTAGE5 [2,21]
5	619	SPPASNMLKMEWSREVTTNA	CRISP2 [52,71]	17	2012	VLQFHALEENVMVASEDSKL	CTCFL [150,169]
5	620	TDKTEKVAVDPETVFKRPRE	CT45 [2,21]	17	2013	RDEMAAARGALKKNATMLYT	CTNNA2 [203,222]
5	621	PNKISTEHQSLVLVKRLLAV	CT46 [17,36]	17	2014	QNETSYSRVLHGYAAQQLPS	DCAF12 [58,77]
5	622	NDHILIENRQLSRLMVGPHA	CT47 [137,156]	17	2015	RLFLKGNLLRGIDSLFSAPM	DKKL1 [57,76]
5	623	SKSLKSQVAEAKMTFKRFQA	CTAGE2 [150,169]	17	2016	NSYNVRRTEGFSVTLDDLAP	EPHA2 [480,499]
5	624	VGFFAVLFFLWRSFRSVRSR	cTAGE5 [50,69]	17	2017	FGVELPGNEEFQVVKDAVLD	FAM46D [87,106]
5	625	SAVFHERYALIQHQKTHKNE	CTCFL [464,483]	17	2018	LSKSNNRLKSLSIQYLELDR	FBXO39 [119,138]
5	626	KNLMNAVVLTVKASYVASTK	CTNNA2 [870,889]	17	2019	QLAEIDIKLQELSAASPTIS	FSIP1 [319,338]
5	627	IDESIYFSSDVVTGNVPLKV	CXorf48 [53,72]	17	2020	TKLEISGDEFLNFLLKLNKQ	GASZ [347,366]
5	628	KRILVNLSMVENKLVELEHT	CXorf61 [78,97]	17	2021	DKYWREYILSLEELVNGMYR	Glypican-3 [293,312]
5	629	NRRKSRRFIPRPPSVAPPPM	DBPC [176,195]	17	2022	RNQPLTFALQLHDPSGYLAE	gp100 [234,253]
5	630	EVRLQNETSYSRVLHGYAAQ	DCAF12 [54,73]	17	2023	GTLDLVAVSSVKQNIIVTTE	HAGE [451,470]
5	631	LQGFSRLFLKGNLLRGIDSL	DKKL1 [52,71]	17	2024	PHAPGVQMQAIPEDAVHEDS	HDAC2 [375,394]
5	632	NLIAERQRVMAAQVALRRQQ	DMRT1 [106,125]	17	2025	SSNAYNSRYWSNNPKVHRNT	IGFS11 [313,332]
5	633	RKAVTKRARLQRSYEMNERA	DPPA2 [150,169]	17	2026	AKINKKKSLVSFKALIEESE	JARID1B [768,787]
5	634	KTQNDVDIADVAYYFEKDVK	EpCAM [202,221]	17	2027	NDIASMNLQAHLIPGLNLNA	KOC1 [353,372]

[0501]

5	635	GLVTSRSFRTASVSINQTEP	EPHA2 [420,439]	17	2028	LLGSENDGTKIAASQAISAM	KU-CT-1 [324,343]
5	636	KQLENKKTGSKALAEFEEKM	FAM133A [46,65]	17	2029	ETRLALVQRNVAIMKSIIPA	LDHC [104,123]
5	637	IVKDARLNGSVASYILASHN	FAM46D [57,76]	17	2030	LQNFVRILLNEEDMNVIVVD	LIPI [114,133]
5	638	EFNVLEMEVMRRQLYAVNRR	FATE1 [128,147]	17	2031	QGASAFPTTINFTRQRQPSE	MAGE-A1 [59,78]
5	639	RKLFYFKIWAFLDVSFVERI	FBXO39 [366,385]	17	2032	ITKAEILESVIRNYEDHFPL	MAGE-A10 [155,174]
5	640	KAKGRNRRSHRAMRVAHLEL	FMR1NB [7,26]	17	2033	FGEPKRLLTQNWVQEKYLVY	MAGE-A11 [352,371]
5	641	PVFPQLSRSIISKLLNESET	FSIP1 [439,458]	17	2034	ASEEEIWEELGVMGVYDGRE	MAGE-A4 [217,236]
5	642	KNVNQSLLDLYQLAVEKGDP	FTHL17 [109,128]	17	2035	KLVHFLLLKYRAREPVTKAE	MAGE-A6 [115,134]
5	643	GWEIGYLDRTSQKLKRLLPI	GASZ [24,43]	17	2036	MLLGQKSQRYKAEEGLQAQG	MAGE-A8 [1,20]
5	644	SSLSHISPFSHSSHMLTTPT	GATA-3 [402,421]	17	2037	NLSNDWDFPRNGLLMPLLGV	MAGE-B1 [188,207]
5	645	KHINQLLRTMSMPKGRVLDK	Glypican-3 [467,486]	17	2038	SLLSSWDFPRRKLLMPLLGV	MAGE-B2 [191,210]
5	646	LNVSLADTNSLAVVSTQLIM	gp100 [567,586]	17	2039	VDVSYKKSYKGANSKIEKKQ	MAGE-B3 [75,94]
5	647	RNRPGMLVLTPTRELALQVE	HAGE [314,333]	17	2040	ARPRVAARRGTTAMTSAYSR	MAGE-B4 [317,336]
5	648	FKPVMSKVMEMFQPSAVVLQ	HDAC1 [241,260]	17	2041	PQSPLQGEEFQSSLQSPVSI	MAGE-C1 [612,631]
5	649	RQQTDMAVNWAGGLHHAKKS	HDAC2 [127,146]	17	2042	ASEEVIWEVLNAVGVYAGRE	MAGE-C2 [244,263]
5	650	QSYKHLFQPVINQVVDFYQP	HDAC3 [230,249]	17	2043	HESLSSFELSASRRGQKRNI	MORC1 [606,625]
5	651	SPSRQQSKAHRHRHRRGYSR	HOM-TES-85 [59,78]	17	2044	VKDLLKGQSRLIFTYGLTNS	MPHOSPH1 [137,156]
5	652	LLLSLHGVAASLEVSESPGS	IGFS11 [12,31]	17	2045	PPLTSSNHSTSPQLSTGVSF	MUC-1 [1023,1042]
5	653	DGFDLNKGIEAKIHTLLPWQ	IL13RA2 [93,112]	17	2046	EVLFYQPDLKYLSFTLTKLS	NLRP4 [688,707]
5	654	EGDALRYMIERTVNWQHRAQ	JARID1B [1248,1267]	17	2047	KENFTGSETLKHLVLQFLQQ	NXF2 [379,398]
5	655	RNIPPHLQWEVLDSLLVQYG	KOC1 [86,105]	17	2048	QEKENKYFEDIKILKEKNAE	NY-BR-1 [1070,1089]
5	656	DVGYGRSISSSSSLRRSSKE	KU-CT-1 [621,640]	17	2049	SWDVDDLLLWKKIHRMVILT	NYD-TSPG [333,352]
5	657	SRLLQLHITMPFSSPMEAEL	Lage-1 [85,104]	17	2050	EKSEEYAEQLHVQLADKDLY	ODF2 [414,433]
5	658	LKGEMMDLQHGSLFFSTSKI	LDHC [58,77]	17	2051	QKQPNTLRHVVIPDLQSSEA	PASD1 [410,429]
5	659	QTIESWREEGFPVGLKLAVL	LEMD1 [142,161]	17	2052	RGTTEIGMIGSKPFSTVKYK	PEPP2 [779,798]
5	660	TYKIQRLMLKSLTYPERPPL	LIPI [437,456]	17	2053	KSIGRGYNPRLTVIVVKKRV	PIWIL1 [725,744]
5	661	QSPQGASAFPTTINFTRQRQ	MAGE-A1 [56,75]	17	2054	YHDPSRGMRSVVGFVASINL	PIWIL2 [747,766]
5	662	PRAHAEIRKMSLLKFLAKVN	MAGE-A10 [300,319]	17	2055	SPNNFTLAFIVVKKRINTRF	PIWIL3 [750,769]
5	663	EESFSPTAMDAIFGSLSDEG	MAGE-A11 [177,196]	17	2056	MSGRARVKARGIARSPSATE	PIWIL4 [1,20]
5	664	DGREDSVFAHPRKLLTQDLV	MAGE-A12 [232,251]	17	2057	DVLLAQEVRPRRWKLQVLDL	PRAME [105,124]
5	665	AISRKMVELVHFLLLKYRAR	MAGE-A2 [108,127]	17	2058	KFSGYPLYHSVYETYELVEK	PSMA [545,564]
5	666	KLLTQHFVQENYLEYRQVPG	MAGE-A3 [244,263]	17	2059	RSVYSKQPYTEYISTRWYRA	RAGE-1 [150,169]
5	667	LLIIVLGTIAMEGDSASEEE	MAGE-A4 [202,221]	17	2060	KMENVQPAPDNVLLTLRPRR	SAGE1 [210,229]
5	668	LDTQEEALGLVGVQAATTEE	MAGE-A5 [16,35]	17	2061	LALWEAYREFESAIVEAARL	SART3 [225,244]
5	669	FPVIFSKASDSLQLVFGIEL	MAGE-A6 [147,166]	17	2062	TEKENKMKDLTFLLEESRDK	SCP-1 [276,295]
5	670	QEALKLKVAELVHFLLHKYR	MAGE-A9 [105,124]	17	2063	EYSQQFLTLFQQWDLDMQKA	SCP3a [124,143]
5	671	STESSVKDPVAWEAGMLMHF	MAGE-B1 [99,118]	17	2064	AHEWARAIIESDQEQGRKLR	SCRN1 [350,369]
5	672	KIVGKRFREHFPEILKKASE	MAGE-B2 [139,158]	17	2065	QDLQREISILQEQISHLQFV	se57-1 [230,249]
5	673	TVPSAFQFWYEEALRDEEER	MAGE-B3 [298,317]	17	2066	IKEGLITADAEGDFIDARPG	SLCO6A1 [550,569]
5	674	KEVNPTTHSYILVSMLGPND	MAGE-B4 [167,186]	17	2067	DQDTVMKAIQEARKMREQIQ	SOX-6 [492,511]
5	675	DEESVSASQKAIIFKRLSKD	MAGE-B6 [174,193]	17	2068	QLANDSVNRLSRILMELDGP	SPAG1 [555,574]
5	676	PVSPSFSSTLVSLFQSSPER	MAGE-C1 [271,290]	17	2069	DVLQGELEAVKQAKLKLEEK	SPAG9 [446,465]
5	677	DSESSFTYTLDEKVAELVEF	MAGE-C2 [132,151]	17	2070	TAVAVPSNIQGIRNLVTDAK	SPO11 [199,218]
5	678	STTHSFLFGALAELLDNARD	MORC1 [22,41]	17	2071	SEEYLERQLQAEFIESGQYR	TAF7L [363,382]
5	679	SSKKTYSLRSQASIIGVNLA	MPHOSPH1 [1703,1722]	17	2072	KWDPVVPFRNESAVTGYKML	TAG-1 [931,950]
5	680	LQRDISEMFLQIYKQGGFLG	MUC-1 [1069,1088]	17	2073	KYTSDDFWYRAVVLGTSDTD	TDRD1 [1000,1019]
5	681	AETEPERHLGSYLLDSENTS	NKX3.1 [91,110]	17	2074	YRYLNSWRPSLFYKIANVQT	TEKT5 [44,63]
5	682	RNKSVRYLDLSANVLKDEGL	NLRP4 [805,824]	17	2075	TGLKRLSSFIGAGSPSLVKA	TEX14 [1283,1302]
5	683	STWQELILLSSLTVYSKQIF	NR6A1 [322,341]	17	2076	NDKNSKVLMQNAATYWNELP	TEX15 [2618,2637]
5	684	QMEMLKLTMNKRYNVSQQAL	NXF2 [213,232]	17	2077	RKRRRRRRLMELAEPKINWQ	THEG [120,139]
5	685	ITKRSEQIVEFLLIKNANAN	NY-BR-1 [124,143]	17	2078	QVKHLYNWNLPPRRILFIKH	TPTE [399,418]
5	686	LVFRVDETTPAVVQSVLLER	NYD-TSPG [87,106]	17	2079	IKLDSSKELLNRQLVAKDQF	TSGA10 [516,535]
5	687	LELEIIVLNDRVTDLVNQQQ	ODF2 [458,477]	17	2080	ADGMWPQFRTIQEKEVIILN	TSP50 [250,269]
5	688	SPGPRYNVNPKILRTGKDLG	ODF3 [65,84]	17	2081	FFNWFSDHNFAGSNKIAEIL	TSPY1 [257,276]
5	689	AFSKKWLDLSRSLFYQRWPV	ODF4 [99,118]	17	2082	PWHRLFLLRWEQEIQKLTGD	TYR [209,228]
5	690	YLLKTKAIVNASEMDIQNVP	OIP5 [172,191]	17	2083	LQPVETKAHFDSSEPQLLWD	ZNF165 [163,182]
5	691	ILRTQLLQQLYTSKAVSDEA	PASD1 [175,194]	18	2084	YLPRDVLAQLPSLRHLDLSN	5T4 [224,243]
5	692	VYQKRLMDEAKILKSLHHPN	PBK [77,96]	18	2085	SIIKEGIESQASYKIVIEGK	ADAM2 [35,54]
5	693	WQQRQFYNKQSTLPRHSTLS	PEPP2 [506,525]	18	2086	KVLLFGLEIWTNKNLIVVDD	ADAM29 [242,261]
5	694	RRSIAGFVASINEGMTRWFS	PIWIL1 [641,660]	18	2087	EGLSPNLNRFLGDRDFNQFS	AFP [324,343]
5	695	KWYSRVVFQMPHQEIVDSLK	PIWIL2 [770,789]	18	2088	AQDKAESYSLISMKGMGDPK	AKAP-3 [397,416]
5	696	LHSWLILYSRSSHREAMSLK	PIWIL3 [507,526]	18	2089	RNQSLEFSTMKAEMKERDKG	AKAP-4 [461,480]
5	697	QENPAAFVRAIQQYVDPDVQ	PIWIL4 [526,545]	18	2090	AKGRRAEDGSVIDYELIDQD	ANXA2 [175,194]
5	698	HQAGAQEAQPLQPSHFLDIS	PLAC1 [179,198]	18	2091	PSVFPKTSISPLNVVQGASV	BRDT [178,197]
5	699	SLLKDEALAIAALELLPREL	PRAME [33,52]	18	2092	YRGNTTMDIKDLVKQFHQIK	CABYR [47,66]
5	700	GDRSIFEGRTRYSRITGGME	PRSS55 [54,73]	18	2093	ERPEIVSTWSSAGISWRSEA	CAGE1 [260,279]
5	701	STNEVTRIYNVIGTLRGAVE	PSMA [348,367]	18	2094	TQNGRFYAISARFKPFSNKG	CALR3 [69,88]
5	702	VFYEIASLQPLFPGVNELDQ	RAGE-1 [191,210]	18	2095	QERTNSELHNLRQIYVKQQS	CCDC62 [275,294]
5	703	QQRKKMEKEAQRLMKKEQNK	RCAS1 [188,207]	18	2096	YAKIDEKTAELKRKMFKMST	CDCA1 [445,464]
5	704	QSRTDKVLSTAPPQLVHMAA	SAGE1 [121,140]	18	2097	EEKLSKVDEMISHATEELET	CTAGE2 [381,400]
5	705	NAKYANMWLEYYNLERAHGD	SART3 [504,523]	18	2098	LLLEELRRVVAALPEGMRPD	cTAGE5 [14,33]
5	706	MEESNKARAAHSFVVTEFET	SCP-1 [363,382]	18	2099	QEGVQVVVQQPGPGLLWLEE	CTCFL [105,124]
5	707	KILQQSRIVQSQRLKTIKQL	SCP3a [159,178]	18	2100	PKSLEIRTLTVERLLEPLVT	CTNNA2 [14,33]
5	708	GETAKEALDVIVSLLEEHGQ	SCRN1 [120,139]	18	2101	NTLFVVDVQTSQITKIPILK	DCAF12 [110,129]
5	709	IEETEYVKKIRTTLQKIRTQ	se57-1 [31,50]	18	2102	AAPIHDADAQESSLGLTGLQ	DKKL1 [30,49]
5	710	EKSYDISSGLVAIFIAFYGD	SLCO6A1 [148,167]	18	2103	GKIPIRWTAPEAISYRKFTS	EPHA2 [777,796]

[0502]

5	711	SYNHKQIEQLYAAQLASMQV	SOX-6 [360,379]	18	2104	LKFVSSLRRQFEFSVDSFQI	FAM46D [159,178]
5	712	ISGKEEETSVTILDSSEEDK	SP17 [92,111]	18	2105	AKLARQATNLKVNFFFERIM	FBXO39 [274,293]
5	713	SGDYEEAVMYYTRSISALPT	SPAG1 [222,241]	18	2106	TQIPPEEYEMQMQKLNKDFT	FSIP1 [202,221]
5	714	GREVENLILENTQLLETKNA	SPAG9 [407,426]	18	2107	IAKRNKHHEIFNLLSFTLNP	GASZ [221,240]
5	715	IDVVESEAVSVLHHWLKKTE	SPATA19 [28,47]	18	2108	NYTNAMFKNNYPSLTPQAFE	Glypican-3 [124,143]
5	716	YATKRDIYYTDSQLFGNQTV	SPO11 [130,149]	18	2109	VNNTIINGSQVWGGQPVYPQ	gp100 [105,124]
5	717	HRLRERKQLVIYEEISDPEE	SSX-1 [166,185]; SSX-2 [166,185]	18	2110	KTGKVRILIATDLASRGLDV	HAGE [534,553]
5	718	QIPEKIQKAFDDIAKYFSKE	SSX-2 [16,35]	18	2111	DVDKLHFTPRIQRLNELEAQ	JARID1B [77,96]
5	719	PGKPTTSEKINMISGVLQRY	SSX-3 [142,161]	18	2112	GPPEAQFKAQGRIYGKIKEE	KOC1 [458,477]
5	720	GKHAWTHRLRERKQLVVYEE	SSX-4 [160,179]	18	2113	LANMSAEYTSKVQIFEHGGL	KU-CT-1 [133,152]
5	721	ATLPPFMRNKRVADFQGNDF	SSX-5 [65,84]	18	2114	GTDSDKEHWKNIHKQVIQSA	LDHC [219,238]
5	722	AFLSVKKQFEELTLGEFLKL	Survivin [85,104]	18	2115	LEFSQLSVKDSFRDLFIPRI	LIPI [43,62]
5	723	AEGPSTLDEGLFLRSQEAAA	SYCE1 [219,238]	18	2116	ALAETSYVKVLEYVIKVSAR	MAGE-A1 [270,289]
5	724	DEVPDEVENQFILRLPLEHA	TAF7L [92,111]	18	2117	ESVIRNYEDHFPLLFSEASE	MAGE-A10 [162,181]
5	725	NESAVTGYKMLYQNDLHLTP	TAG-1 [940,959]	18	2118	RAHAETSKMKVLEYIANANG	MAGE-A11 [389,408]
5	726	DKTIQANVLEIISPNLFYAL	TDRD1 [939,958]	18	2119	PDAESLFREALSNKVDELAH	MAGE-A4 [100,119]
5	727	DNIKHSQNMRANSIQLREEA	TEKT5 [301,320]	18	2120	DLESEFQAALSRKVAKLVHF	MAGE-A6 [100,119]
5	728	QGFIHRSLSSYAVHIISPGE	TEX14 [370,389]	18	2121	EEIWKFMNVLGAYDGEEHLI	MAGE-B1 [218,237]
5	729	VTELEYNYNQFSTLLKNVMS	TEX15 [2198,2217]	18	2122	RGQKSKLRAREKRRKARDET	MAGE-B2 [3,22]
5	730	PKIRDNFWSMPMSEVSQVSR	THEG [238,257]	18	2123	EFLNKMRIYDGKKHFIFGEP	MAGE-B3 [225,244]
5	731	SFYFWLHTSFIENNRLYLPK	TPTE [493,512]	18	2124	GEPRKLITQDLVQEKYLEYQ	MAGE-B4 [239,258]
5	732	VLGEAWRDQVDWSRLLRDAG	TRAG-3 [45,64]	18	2125	DDSTATESASSSVMSPSFSS	MAGE-C1 [1122,1141]
5	733	KARQSEADNNTLKLELITAE	TSGA10 [430,449]	18	2126	LLVIYNLKLLLNGEPELDVK	MORC1 [197,216]
5	734	DPEAVARRWPWMVSVRANGT	TSP50 [116,135]	18	2127	LPRTLNVLFDSLQERLYTKM	MPHOSPH1 [172,191]
5	735	FWANVIANHPQMSALITDED	TSPY1 [158,177]	18	2128	LFEMQDPAFVKQAVNLLQEA	NLRP4 [557,576]
5	736	DSFQDYIKSYLEQASRIWSW	TYR [458,477]	18	2129	FFVQDASAASALKDVSYKIY	NXF2 [166,185]
5	737	GATLKGVAAGSSSSVKWTEG	WT1 [244,263]	18	2130	KKEIAMLKLEIATLKHQYQE	NY-BR-1 [1052,1071]
5	738	WRGRSTYRPRPRRSLQPPEL	XAGE-2 [3,22]	18	2131	LTFVMPNDYTKFVAEYFQER	NYD-TSPG [180,199]
5	739	GKTFRVSSHLIRHFRIHTGE	ZNF165 [434,453]	18	2132	EMDGAAAAKQVMALKDTIGK	ODF2 [215,234]
6	740	LQGLRRLELASNHFLYLPRD	5T4 [209,228]	18	2133	KDEVYQKIILKFPLLNSETH	PASD1 [86,105]
6	741	EDVRVSGWLQTEFLSFQDGD	ACRBP [452,471]	18	2134	NLRDNPFRTTQTRRRDDKEL	PEPP2 [940,959]
6	742	MQRVAPEMFFSPQVFEQPGP	ACTL8 [251,270]	18	2135	QETAQLVGSTASQQPGYIQP	PIWIL1 [16,35]
6	743	GLGGLRMDSNFDSLPVQITV	ADAM2 [10,29]	18	2136	AMDQARELVNMLEKIAGPIG	PIWIL2 [614,633]
6	744	LQINDFAYEIKPLAFSTTFE	ADAM29 [127,146]	18	2137	SHREAMSLKGHLQSVTAPMG	PIWIL3 [518,537]
6	745	DLATIFFAQFVQEATYKEVS	AFP [45,64]	18	2138	ARLVDNIQRNTNARFELETW	PIWIL4 [415,434]
6	746	NRNVNFAMKSETKLREKMYS	AKAP-3 [417,436]	18	2139	SQLTTLSFYGNSISISALQS	PRAME [406,425]
6	747	SKGLMVYANQVASDMMVSLM	AKAP-4 [330,349]	18	2140	WNLLHETDSAVATARRPRWL	PSMA [2,21]
6	748	SDTSGDFRKLMVALAKGRRA	ANXA2 [161,180]	18	2141	GEGTFSEVMKMQSLRDGNYY	RAGE-1 [11,30]
6	749	VDAVKLQLPDYYTIIKNPMD	BRDT [56,75]	18	2142	MSTRDQYAAVTHNIREEKIN	SAGE1 [616,635]
6	750	SKPRLVVPYGLKTLLEGISR	CABYR [4,23]	18	2143	LDRQLKVKDLVLSVHNRAIR	SART3 [354,373]
6	751	YHSLNEELDFLVTSYEEIIE	CAGE1 [694,713]	18	2144	QENRKIIEAQRKAIQELQFG	SCP-1 [135,154]
6	752	AISARFKPFSNKGKTLVIQY	CALR3 [76,95]	18	2145	MFRQQQKILQQSRIVQSQRL	SCP3a [153,172]
6	753	DKELNDMVAVHQQQLLSWEE	CCDC62 [41,60]	18	2146	SLDLLMKKIKGKDLQLLEMN	se57-1 [87,106]
6	754	LKTEENSFKRLMIVKKEKLA	CDCA1 [334,353]	18	2147	EPHIKRPMNAFMVWAKDERR	SOX-6 [618,637]
6	755	QLQVQREIVNKHNELRKAVS	CRISP2 [33,52]	18	2148	IIEAKMELEEVTRLLNLKDK	SPAG1 [724,743]
6	756	AMSKAKKLMTGHAIPPSQLD	CT45 [51,70]	18	2149	SVTKAERSHLIVWQVMYGNE	SPAG9 [1302,1321]
6	757	SNESSMLSTDTKKASILLIR	CT46 [136,155]	18	2150	ITGKGVPDLNTRLLVKKLWD	SPO11 [247,266]
6	758	EEGEQAAGLAAVPRGGSAEE	CT47 [64,83]	18	2151	PLKNVRKKRFRKTQKKVPDV	TAF7L [225,244]
6	759	TELYQENEMKLYRKLIVEEK	CTAGE2 [356,375]	18	2152	SSSLSIKWDPVVPFRNESAV	TAG-1 [925,944]
6	760	SKSLKSQVAEAKMTFKIFQM	cTAGE5 [180,199]	18	2153	QKKAHVLYIDYGNEEIIPLN	TDRD1 [341,360]
6	761	NMAFVTSGELVRHRRYKHTH	CTCFL [319,338]	18	2154	ELDRLLTENQNLETVKRRLE	TEKT5 [158,177]
6	762	RGSQKKHISPVQALSEFKAM	CTNNA2 [931,950]	18	2155	FDDWDWQNGSLSSLSLPEST	TEX14 [696,715]
6	763	VTSINEDNIYISNSIYFSIA	CXorf48 [118,137]	18	2156	QHSVEYEGNIHTSLAIAQKL	TEX15 [343,362]
6	764	NSTALALVRPSSSGLINSNT	CXorf61 [34,53]	18	2157	AAQMAVPSSRILQLSKPKAP	THEG [258,277]
6	765	HQTAIKRNNPRKFLRSVGDG	DBPC [122,141]	18	2158	DIKLLRNIPRWTHLLRLLRL	TPTE [180,199]
6	766	SRVPVYAHITHKALKDIPKE	DCAF12 [227,246]	18	2159	EESENRQMMEQLRKANEDAE	TSGA10 [406,425]
6	767	STLVIPSAAAPIHDADAQES	DKKL1 [22,41]	18	2160	SAKEGTAFRMEAVQEGAAGV	TSPY1 [33,52]
6	768	QSVPQFFTFEDAPSYPEARA	DMRT1 [302,321]	18	2161	TERRLLVRRNIFDLSAPEKD	TYR [113,132]
6	769	GRLLSADTKGWVRLQFHAGQ	DPPA2 [228,247]	18	2162	AQDEGFGKILTHKNTVRGEI	ZNF165 [250,269]
6	770	FITSILYENNVITIDLVQNS	EpCAM [180,199]	19	2163	SSSAPFLASAVSAQPPLPDQ	5T4 [42,61]
6	771	AISYRKFTSASDVWSFGIVM	EPHA2 [788,807]	19	2164	GLRGVLQFENVSYGIEPLES	ADAM2 [113,132]
6	772	SVDSFQIVLDPMLDFYSDKN	FAM46D [172,191]	19	2165	EIPNMSDHTTVHWARFNDIM	ADAM29 [561,580]
6	773	PGTDAVAQTSLEEFNVLEME	FATE1 [116,135]	19	2166	VMKNFGTRTFQAITVTKLSQ	AFP [226,245]
6	774	MGKRLDYLNLKGARLTVEQG	FBXO39 [160,179]	19	2167	GRRDARSFVEAAGTTNFPAN	AKAP-3 [543,562]
6	775	KRKRKSEMLQKAARGREEHG	FMR1NB [234,253]	19	2168	NRLSSLVIQMAHKEIKEKLE	AKAP-4 [222,241]
6	776	KRPSFLDDPLYGISVSLSSE	FSIP1 [533,552]	19	2169	LYYYIQQDTKGDYQKALLYL	ANXA2 [315,334]
6	777	HFLESHYLHEQVKTIKELGG	FTHL17 [132,151]	19	2170	SSDELFNQFRKAAIEKEVKA	BRDT [821,840]
6	778	HHEIFNLLSFTLNPLEGKLQ	GASZ [227,246]	19	2171	IKIGSEKSLHLEVEITSIVS	CABYR [409,428]
6	779	DQPRWVSHHHPAVLNGQHPD	GATA-3 [6,25]	19	2172	ESRNDKEMLQLQFKKIKANY	CAGE1 [398,417]
6	780	DMVNELFDSLFPVIYTQLMN	Glypican-3 [165,184]	19	2173	KIDGQSIESGSIEYDWNLTS	CALR3 [185,204]
6	781	VLYRYGSFSVTLDIVQGIES	gp100 [476,495]	19	2174	NQKSLFKDQKFEAMLVQQNR	CCDC62 [348,367]
6	782	MSSTDKVIVFVSRKAVADHL	HAGE [484,503]	19	2175	AHQEALMKLERLDSVPVEEQ	CDCA1 [158,177]
6	783	ELLKYHQRVLYIDIDIHHGD	HDAC1 [162,181]; HDAC2 [163,182]	19	2176	SENQKLQQKLKVMTELYQEN	CTAGE2 [343,362]
6	784	FKPIISKVMEMYQPSAVVLQ	HDAC2 [242,261]	19	2177	MKLHRKLTVEENYRLEKEEK	cTAGE5 [394,413]

[0503]

6	785	QNSRQYLDQIRQTIFENLKM	HDAC3 [349,368]	19	2178	SYASRDTYKLKRHMRTHSGE	CTCFL [376,395]
6	786	GDLVDTQSDLIATQRDLIAT	HOM-TES-85 [236,255]	19	2179	QVEVAIEALSANVPQPFEEN	CTNNA2 [588,607]
6	787	TGTMPATNVSIFINNTQLSD	IGFS11 [95,114]	19	2180	KSDARHNVSRVPVYAHITHK	DCAF12 [219,238]
6	788	EIKVNPPQDFEIVDPGYLGY	IL13RA2 [29,48]	19	2181	HTELHPRVAFWIIKLPRRRS	DKKL1 [160,179]
6	789	IEEIPAYLPNGAALKDSVQR	JARID1B [997,1016]	19	2182	GTNFQKRLFTKIDTIAPDEI	EPHA2 [131,150]
6	790	LDKLNGFQLENFTLKVAYIP	KOC1 [136,155]	19	2183	KESYPVVVAESMYGDFQEAM	FAM46D [196,215]
6	791	KKNSYHFSAGFGSPIEDKSE	KU-CT-1 [643,662]	19	2184	NPYNAVLTKKFQVTMRGLLS	FBXO39 [98,117]
6	792	GARRPDSRLLQLHITMPFSS	Lage-1 [79,98]	19	2185	AWQSKEEMENTKKFLSLTAV	FSIP1 [162,181]
6	793	SILKNLRRVHPVSTMVKGLY	LDHC [262,281]	19	2186	GAEVNTQDENGYTALTWAAR	GASZ [172,191]
6	794	LSTEKSKKLKKWPEASTTKR	LEMD1 [80,99]	19	2187	KVFGNFPKLIMTQVSKSLQV	Glypican-3 [206,225]
6	795	SRGATTFIYNRAVKNTRKVA	LIPI [135,154]	19	2188	FSVPQLPHSSSHWLRLPRIF	gp100 [625,644]
6	796	ITKKVADLVGFLLLKYRARE	MAGE-A1 [102,121]	19	2189	LKNITYLVLDEADKMLDMGF	HAGE [387,406]
6	797	QDRIATTDDTTAMASASSSA	MAGE-A10 [342,361]	19	2190	QTRVKLNFLDQIAKYWELQG	JARID1B [96,115]
6	798	GSVIKNYEDYFPEIFREASV	MAGE-A11 [250,269]	19	2191	HSVPKRQRIRKLQIRNIPPH	KOC1 [72,91]
6	799	KASEYLQLVFGIEVVEVVRI	MAGE-A12 [153,172]	19	2192	GSKDFFNNQGIPQLIQLLKS	KU-CT-1 [348,367]
6	800	SKASEYLQLVFGIEVVEVVP	MAGE-A2 [152,171]	19	2193	MSTVKEQLIEKLIEDDENSQ	LDHC [1,20]
6	801	EEQEAASSSSTLVEVTLGEV	MAGE-A3 [34,53]; MAGE-A6 [34,53]	19	2194	AKFVDVIHSDSNGLGIQEPL	LIPI [224,243]
6	802	ATEEQEAASSSSTLVEVTLG	MAGE-A6 [32,51]	19	2195	HAEIRKMSLLKFLAKVNGSD	MAGE-A10 [303,322]
6	803	VRVNARVRISYPSLHEEALG	MAGE-A8 [294,313]	19	2196	VYAGREHFLFGEPKRLLTQN	MAGE-A11 [343,362]
6	804	VGKEHMFYGEPRKLLTQDWV	MAGE-A9 [231,250]	19	2197	KISGGPRISYPLLHEWALRE	MAGE-A6 [292,311]
6	805	MHFILRKYKMREPIMKADML	MAGE-B1 [116,135]	19	2198	RSSVRARRRTTATTFRARSR	MAGE-B1 [318,337]
6	806	ESLLSSWDFPRRKLLMPLLG	MAGE-B2 [190,209]	19	2199	VDLTDEESLLSSWDFPRRKL	MAGE-B2 [184,203]
6	807	VQFLMEMYKMKKPIMKADML	MAGE-B3 [119,138]	19	2200	RGQTQDHQGAQITATNKKKV	MAGE-B3 [19,38]
6	808	FPEIFRKVSQRTELVFGLAL	MAGE-B4 [147,166]	19	2201	AEKEESPSSSSSVLRDTASS	MAGE-B4 [33,52]
6	809	DSSGESYTLVSKLGLPSEGI	MAGE-B6 [256,275]	19	2202	RTHSTFEGFPQSLLQIPMTS	MAGE-C1 [325,344]
6	810	EFLAMLKNTVPITFPSSYKD	MAGE-C1 [1086,1105]	19	2203	PMEDVNLSSGHIARVSVSGS	MORC1 [780,799]
6	811	PRELLTKVWVQGHYLEYREV	MAGE-C2 [270,289]	19	2204	ENNEGLRAFLLTIENELKNE	MPHOSPH1 [882,901]
6	812	EKPLNSFQYQRRQAMGIPFI	MORC1 [464,483]	19	2205	YQPDLKYLSFTLTKLSRDDI	NLRP4 [692,711]
6	813	RAKRKLYTSEISSPIDISGQ	MPHOSPH1 [1775,1794]	19	2206	TIPYGIKYDKAWLMNSIQSH	NXF2 [128,147]
6	814	TSPQLSTGVSFFFLSFHISN	MUC-1 [1032,1051]	19	2207	LQSKNMWLQQQLVHAHKKAD	NY-BR-1 [1270,1289]
6	815	TETQVKIWFQNRRYKTKRKQ	NKX3.1 [164,183]	19	2208	RGKAPDPQAGNFVLVFPFNE	NYD-TSPG [545,564]
6	816	STTSVYSSFVFNLFTPEGAE	NLRP4 [367,386]	19	2209	HKAEVEAIMEQLKELKQKGD	ODF2 [377,396]
6	817	RSLDPQSYSLIHQLLSAEDL	NR6A1 [244,263]	19	2210	HDAIQNQQNALELMMDHLQK	PASD1 [392,411]
6	818	DNEWNYTRAGQAFTMLQTEG	NXF2 [596,615]	19	2211	RSWTYGITRGGRVFFINEEA	PEPP2 [14,33]
6	819	SSEIVGMLLQQNVDVFAADI	NY-BR-1 [161,180]	19	2212	GLTDKMRNDFNVMKDLAVHT	PIWIL1 [391,410]
6	820	DDMYIVQKYISNPLLIGRYK	NYD-TSPG [234,253]	19	2213	ENYQPKMVVFVVQKKISTNL	PIWIL2 [841,860]
6	821	ATSAQNIEFLQVIAKREEAI	ODF2 [675,694]	19	2214	FRRTFKLLDFEQVGRNYYTK	PIWIL3 [229,248]
6	822	PAAYRQTDVRVTKFKAPQYT	ODF3 [182,201]	19	2215	SATEVGRIQASPLPRSVDLS	PIWIL4 [17,36]
6	823	NIWIFELERNVSIPIGWSYF	ODF4 [165,184]	19	2216	MPMQDIKMILKMVQLDSIED	PRAME [218,237]
6	824	NNVVLEAPFLVGIEGSLKGS	OIP5 [111,130]	19	2217	FLDELKAENIKKFLYNFTQI	PSMA [61,80]
6	825	RADPVDLEFSVDQVDSVDQE	PASD1 [298,317]	19	2218	TPAQKILTKFKQSRAMNFDF	RAGE-1 [220,239]
6	826	FDDEAYYAALGTRPPINMEE	PBK [266,285]	19	2219	NNSQPAPGNILSTAPPWLRH	SAGE1 [635,654]
6	827	SQEIEMHADNPAAIQTVVLQ	PEPP2 [674,693]	19	2220	ESDGDEYAMASSAESSPGEY	SART3 [64,83]
6	828	IYTRRNYEAANSLIQNLFKV	PIWIL1 [499,518]	19	2221	ELEDIKVSLQRSVSTQKALE	SCP-1 [323,342]
6	829	AASIRRTDGGLFLLADVSHK	PIWIL2 [364,383]	19	2222	SILQEQISHLQFVIHSQHQN	se57-1 [237,256]
6	830	KKKAIQLYRHGTSLEIWLGY	PIWIL3 [248,267]	19	2223	EKQPYYEEQARLSKIHLEKY	SOX-6 [666,685]
6	831	SNKAKAFDGAILFLSQKLEE	PIWIL4 [151,170]	19	2224	RALRKDKPAATAASFTAEEW	SPAG1 [73,92]
6	832	QLTTLSFYGNSISISALQSL	PRAME [407,426]	19	2225	GVDGQWDLSNYHLLDLGRPH	SPAG9 [1028,1047]
6	833	EAEVGEFPWQVSIQARSEPF	PRSS55 [73,92]	19	2226	PMGPEASFFDVLDRHRESLL	SPO11 [5,24]
6	834	SFDSLFSAVKNFTEIASKFS	PSMA [628,647]	19	2227	NEVKRLLRSDAEAVSTRWEV	TAF7L [263,282]
6	835	KRRGPAYVMELPKLKLSGVV	RAGE-1 [339,358]	19	2228	QTTFGPVFEDQPLSVLFPEE	TAG-1 [32,51]
6	836	IRKTQKIVIKKREPLNFGIP	RCAS1 [102,121]	19	2229	DYGNEEIIPLNRIYHLNRNI	TDRD1 [350,369]
6	837	PAPDNVLLTLRPRRINMTDT	SAGE1 [216,235]	19	2230	QTQLAKTLQEIFQAENTIML	TEKT5 [357,376]
6	838	APRLAEYQAYIDFEMKIGDP	SART3 [307,326]	19	2231	RITIGTLFSVLHERRSQFPV	TEX14 [328,347]
6	839	HDLEIQLTAITTSEQYYSKE	SCP-1 [479,498]	19	2232	REDNAVSAATALLESEEDTI	TEX15 [544,563]
6	840	RLKTIKQLYEQFIKSMEELE	SCP3a [171,190]	19	2233	SKPKAPATLLEEWDPVPKPK	THEG [272,291]
6	841	NTREPAAEIEALLGMDLVRL	SCRN1 [96,115]	19	2234	FTKEVNEWMAQDLENIVAIH	TPTE [318,337]
6	842	EAGAAALRNVAQRLFENYQT	se57-1 [121,140]	19	2235	ISMQNLEALLVANRDKEYQS	TSGA10 [562,581]
6	843	DFQKEYQLKTIEKLALEKSY	SLCO6A1 [132,151]	19	2236	VNITEYRASHSTPIEWYPDY	TSPY1 [222,241]
6	844	AAQLASMQVSPGAKMPSTPQ	SOX-6 [371,390]	19	2237	NFSFRNTLEGFASPLTGIAD	TYR [337,356]
6	845	SNTHYRIPQGFGNLLEGLTR	SP17 [6,25]	19	2238	GTDEAVLQVQAHEHGQEIFQ	ZNF165 [130,149]
6	846	TPNNHFTLEDIQALKRQYEL	SPAG1 [907,926]	20	2239	AALLAGRALQGLRRLELASN	5T4 [201,220]
6	847	STAHSRIRKERPISLGIFPL	SPAG9 [190,209]	20	2240	ILSSLELWIDENKIATTGEA	ADAM2 [224,243]
6	848	HLSKSDLLANQSQEVLEERT	SPATA19 [93,112]	20	2241	RDFNQFSSGEKNIFLASFVH	AFP [337,356]
6	849	RSSWENIKFEDSVGLQMVSH	SPO11 [75,94]	20	2242	AREGGRFFPRERKRFRGQER	AKAP-3 [254,273]
6	850	GKHAWTHRLRERKQLVIYEE	SSX-1 [160,179]	20	2243	GGGQSAKALSVKQLESHRAP	AKAP-4 [588,607]
6	851	GFKAILPSFMRNKRVTDFQG	SSX-3 [62,81]	20	2244	IQNKPLYFADRLYDSMKGKG	ANXA2 [263,282]
6	852	ISEKLRKAFDDIAKYFSKKE	SSX-4 [17,36]	20	2245	YLQKVVLKDLWKHSFSWPFQ	BRDT [34,53]
6	853	HRVRERKQLVIYEEISDPQE	SSX-5 [166,185]	20	2246	TEKPEFQSQVYNYAKDNNIK	CAGE1 [138,157]
6	854	MGQHKDLWDFHMPERLAKEI	SYCE1 [166,185]	20	2247	QMVTDLELSTLLPISHENLT	CCDC62 [643,662]
6	855	DADSSAQAAAQAPENFQEGK	TAF7L [66,85]	20	2248	PKAKRTSRFLSGIINFIHFR	CDCA1 [112,131]
6	856	AAVALVSSSAWSSALGSQTT	TAG-1 [15,34]	20	2249	KLLEKFSLVQKEYEGYEVES	CTAGE2 [61,80]
6	857	IMLLKNFMLNQNVMLSVKGI	TDRD1 [1072,1091]	20	2250	RRVVAALPEGMRPDSNLYGF	cTAGE5 [20,39]
6	858	LVNEVFTIDDTLQTLKLRLR	TEKT5 [415,434]	20	2251	EQFTKIKELELMPEKGLKEE	CTCFL [11,30]
6	859	LLQISDALRYLHFQGFIHRS	TEX14 [357,376]	20	2252	PQVINAALTLAARPQSKVAQ	CTNNA2 [460,479]

[0504]

6	860	KDLRRHKIYGRKRRLTSQDS	TEX15 [933,952]	20	2253	VGSQAHVSFLDPRQPSYNVK	DCAF12 [313,332]
6	861	EDIPEISRLSISQKLPSTTM	THEG [97,116]	20	2254	GERPYWELSNHEVMKAINDG	EPHA2 [814,833]
6	862	ERRQQYFSDLFNILDTAIIV	TPTE [148,167]	20	2255	LIGQGIIVKDARLNGSVASY	FAM46D [51,70]
6	863	SEIELLRSQMANERISMQNL	TSGA10 [548,567]	20	2256	ELDRLVWRNSIRSSFISSLS	FBXO39 [135,154]
6	864	SDVPVLQVIMHSRYRAQRFW	TSP50 [179,198]	20	2257	FLDDPLYGISVSLSSEDQHL	FSIP1 [537,556]
6	865	DRRGAVIQSVPGFWANVIAN	TSPY1 [146,165]	20	2258	LDRGANASFEKDKQSILITA	GASZ [99,118]
6	866	EKDKFFAYLTLAKHTISSDY	TYR [130,149]	20	2259	YRIYDMENVLLGLFSTIHDS	Glypican-3 [311,330]
6	867	TGSQALLLRTPYSSDNLYQM	WT1 [210,229]	20	2260	HRRGSRSYVPLAHSSSAFTI	gp100 [190,209]
6	868	GKAFRHSSKLARHQRIHTGE	ZNF165 [350,369]	20	2261	MGFEPQIMKILLDVRPDRQT	HAGE [404,423]
7	869	FSGSNASVSAPSPLVELILN	5T4 [162,181]	20	2262	KPPLEKILPLLASLQRIRVR	JARID1B [1226,1245]
7	870	SQPVSILSPNTLKEIEASAE	ACRBP [124,143]	20	2263	DAKVRMVIITGPPEAQFKAQ	KOC1 [448,467]
7	871	IERGRILNWEGVQYLWSFVL	ACTL8 [67,86]	20	2264	RAKLQELNAIPPILDLLKSE	KU-CT-1 [184,203]
7	872	QDFAKYIEMHVIVEKQLYNH	ADAM2 [174,193]	20	2265	MIEEPRLYEKNKPFYKLQEV	LIPI [386,405]
7	873	SKHLPVFTYTDQGAILEDQP	ADAM29 [75,94]	20	2266	FPTVRPADLTRVIMPLEQRS	MAGE-A11 [98,117]
7	874	YKEVSKMVKDALTAIEKPTG	AFP [60,79]	20	2267	REKRRKAREETQGLKVAHAT	MAGE-B1 [12,31]
7	875	KQLQAVLQWVAASELNVPIL	AKAP-3 [771,790]	20	2268	WGPRAYAETSKMKVLEFLAK	MAGE-B2 [275,294]
7	876	KQLQAVLQWIAASQFNVPML	AKAP-4 [772,791]	20	2269	ATEEKIWEFLNKMRIYDGKK	MAGE-B3 [218,237]
7	877	PKWISIMTERSVPHLQKVFD	ANXA2 [211,230]	20	2270	STSTERSLKDSLTRKTKMLV	MAGE-B4 [98,117]
7	878	LKAVHQQLQVLSQVPFRKLN	BRDT [430,449]	20	2271	EVIKRKVVEFLAMLKNTVPI	MAGE-C1 [1078,1097]
7	879	TMYRGNTTMDIKDLVKQFHQ	CABYR [45,64]	20	2272	RKLQSIIYDSNTRGIHNEIS	MORC1 [883,902]
7	880	EKVSDIMLQKLKSLHLKKKT	CAGE1 [645,664]	20	2273	LDVQIQHVVEGKRALSELTQ	MPHOSPH1 [1135,1154]
7	881	DSRFGHFRLSSGKFYGHKEK	CALR3 [43,62]	20	2274	RTGYTKTYQAHAKQKFSRLW	NLRP4 [92,111]
7	882	SRQMVTDLELSTLLPISHEN	CCDC62 [641,660]	20	2275	KYFEDSRNMKTLKDPYLKGE	NXF2 [439,458]
7	883	KSSADKMQQLNAAHQEALMK	CDCA1 [146,165]	20	2276	AFEPAIEMQKSVPNKALELK	NY-BR-1 [704,723]
7	884	PASNMLKMEWSREVTTNAQR	CRISP2 [54,73]	20	2277	GLNVKRIIQELQKLMNKQHS	NYD-TSPG [573,592]
7	885	SQIDDFTGFSKDRMMQKPGS	CT45 [71,90]	20	2278	ANVFGDGPYSTFLTSSPIRS	ODF2 [805,824]
7	886	KKASILLIRKIYILMQNLGP	CT46 [147,166]	20	2279	KLNWIPSFPTYDYFNQVTLQ	PASD1 [20,39]
7	887	DSGPDSSDVVPAAEVVGVAG	CT47 [37,56]	20	2280	LPRNMPSHRAQIMARYPEGY	PEPP2 [439,458]
7	888	LEGERNQIYIQLSEVDKTKE	CTAGE2 [299,318]	20	2281	HAFDGTILFLPKRLQQKVTE	PIWIL1 [161,180]
7	889	LLEKDPYALDVPNTAFGREH	cTAGE5 [497,516]	20	2282	IEGRVLPMERINLKNTSFIT	PIWIL2 [563,582]
7	890	MSGDERSDEIVLTVSNSNVE	CTCFL [206,225]	20	2283	KDYSIVKELAKHTRLSPRRR	PIWIL3 [413,432]
7	891	FGKEMVKLNYVAARRQQELK	CTNNA2 [179,198]	20	2284	ILKKLSMYQIGRNFYNPSEP	PIWIL4 [213,232]
7	892	GYVPQVDDIVNVVMVESIQF	CXorf48 [208,227]	20	2285	PLQALLERASATLQDLVFDE	PRAME [368,387]
7	893	SMVENKLVELEHTLLSKGFR	CXorf61 [85,104]	20	2286	DSVELAHYDVLLSYPNKTHP	PSMA [106,125]
7	894	VLGTVKWFNVRNGYGFINRN	DBPC [94,113]	20	2287	DERIAAHQALQHPYFQEQRK	RAGE-1 [271,290]
7	895	HKDWIFSIAWISDTMAVSGS	DCAF12 [183,202]	20	2288	QPQPDNILSTASTGLINVAG	SAGE1 [262,281]
7	896	VAFWIIKLPRRRSHQDALEG	DKKL1 [167,186]	20	2289	EYENESQASQAVMKMDGMTI	SART3 [847,866]
7	897	SSQYRMHSYYPPPSYLGQSV	DMRT1 [285,304]	20	2290	PSSLTTPGSTLKFGAIRKMR	SCP-1 [933,952]
7	898	QQLGLSTNGKKIEVYLRLHR	DPPA2 [105,124]	20	2291	EKLEEKHSQITELENLVQRM	se57-1 [179,198]
7	899	VDEKAPEFSMQGLKAGVIAV	EpCAM [252,271]	20	2292	KDERRKILQAFPDMHNSNIS	SOX-6 [633,652]
7	900	KETFNLYYAESDLDYGTNFQ	EPHA2 [116,135]	20	2293	ETLEQYGKAYVDYKTVLQID	SPAG1 [532,551]
7	901	NLTWDQVITLDQVLDEVIPI	FAM46D [8,27]	20	2294	REAELKKEYNALHQRHTEMI	SPAG9 [148,167]
7	902	TRPKKMGSQLPKPRMLRESG	FATE1 [73,92]	20	2295	IYYTDSQLFGNQTVVDNIIN	SPO11 [136,155]
7	903	RKWNQMMYSAELWRYRTITF	FBXO39 [44,63]	20	2296	DGTKEIESQGSIPGFLISSG	TAF7L [286,305]
7	904	RSLFWRSEPADDLQRQDNRV	FMR1NB [205,224]	20	2297	DIGDTTIQLSWSRGFDNHSP	TAG-1 [618,637]
7	905	AIQKMKKLDKILAKKQRREK	FSIP1 [118,137]	20	2298	VDVADKLVTFGLAKNITPQR	TDRD1 [1109,1128]
7	906	LSDDKMEHAQKLMRLQNLRG	FTHL17 [59,78]	20	2299	LYHREKRIGIDLVHDNVEKN	TEKT5 [194,213]
7	907	MAASALRGLPVAGGGESSES	GASZ [1,20]	20	2300	SVSTPLSPGSVSSAASQYKD	TEX14 [1209,1228]
7	908	GLYHKMNGQNRPLIKPKRRL	GATA-3 [289,308]	20	2301	HSNLLYSQYFTYFAGEPQAN	TEX15 [2705,2724]
7	909	VLLGLFSTIHDSIQYVQKNA	Glypican-3 [319,338]	20	2302	YVTERIIAMSFPSSGRQSFY	TPTE [241,260]
7	910	SQKRSFVYVWKTWGQYWQVL	gp100 [144,163]	20	2303	LAMKEKTISGMKNIIAEMEQ	TSGA10 [291,310]
7	911	PKASTWVVASRRSSTVSRAP	HAGE [8,27]	20	2304	EAYRRRHHNSSLNFFNWFSD	TSPY1 [244,263]
7	912	TKYHSDDYIKFLRSIRPDNM	HDAC1 [65,84]	20	2305	ASQSSMHNALHIYMNGTMSQ	TYR [357,376]
7	913	EMTKYHSDEYIKFLRSIRPD	HDAC2 [64,83]	20	2306	PGPALNVKLQPVETKAHFDS	ZNF165 [155,174]
7	914	SEELPYSEYFEYFAPDFTLH	HDAC3 [320,339]	21	2307	VSLTYVSFRNLTHLESLHLE	5T4 [247,266]
7	915	PSQKPSGFKSGQHPLNGQPL	HOM-TES-85 [92,111]	21	2308	QSVEPQQDFAKYIEMHVIVE	ADAM2 [168,187]
7	916	IALILGAFFYWRSKNKEEEE	IGFS11 [258,277]	21	2309	TKVNFTEIQKLVLDVAHVHE	AFP [248,267]
7	917	IREDDTTLVTATVENETYTL	IL13RA2 [276,295]	21	2310	KGTGSAEAVLQNAYQAIHNE	AKAP-3 [721,740]
7	918	ESYNEWALNVNEALEAKINK	JARID1B [753,772]	21	2311	GMKQANGQFIDKLVESVMKL	AKAP-4 [688,707]
7	919	QDTDTKITISPLQELTLYNP	KOC1 [304,323]	21	2312	KSYSPYDMLESIRKEVKGDL	ANXA2 [233,252]
7	920	VIDLMFHPGGLMKLRSREAD	KU-CT-1 [848,867]	21	2313	AQALEKLFMQKLSQMPQEEQ	BRDT [119,138]
7	921	REGAGRMRVVGWGLGSASPE	Lage-1 [142,161]	21	2314	QLKKELEKATASALDLLKRE	CAGE1 [457,476]
7	922	QSAYEIIKLKGYTSWAIGLS	LDHC [236,255]	21	2315	VGQLQAREQALTTMIKLKDK	CCDC62 [149,168]
7	923	LGFSPGPILPSTRKLYEKKL	LEMD1 [19,38]	21	2316	IQESLKTKIVDSPEKLKNYK	CDCA1 [236,255]
7	924	DLFIPRIETILMMYTRNNLN	LIPI [56,75]	21	2317	KSLKSQVAEAKMTFKRFQAN	CTAGE2 [151,170]
7	925	VQAATSSSSPLVLGTLEEVP	MAGE-A1 [28,47]	21	2318	ISHEKKAHDNWLAARNAERN	cTAGE5 [454,473]
7	926	KLLTQDWVQENYLEYRQVPG	MAGE-A10 [269,288]; MAGE-A4 [245,264]	21	2319	SPQEMEVLQFHALEENVMVA	CTCFL [144,163]
7	927	VKGLITKAEMLGSVIKNYED	MAGE-A11 [239,258]	21	2320	TGIGELAAALNEFDNKIILD	CTNNA2 [271,290]
7	928	ETSFQVALSRKMAELVHFLL	MAGE-A12 [102,121]	21	2321	VGTGQGSLLFYDIRAQRFLE	DCAF12 [355,374]
7	929	FAHPRKLLMQDLVQENYLEY	MAGE-A2 [239,258]	21	2322	RLEGVISKYKPMMIITEYME	EPHA2 [677,696]
7	930	APEEKIWEELSVLEVFEGRE	MAGE-A3 [216,235]; MAGE-A6 [216,235]	21	2323	NNRLKSLSIQYLELDRLVWR	FBXO39 [123,142]
7	931	PVIFGKASESLKMIFGIDVK	MAGE-A4 [149,168]	21	2324	EASKGYYLTKALTGHNMSEA	FSIP1 [477,496]
7	932	GGPRISYPLLHEWALREGEE	MAGE-A6 [295,314]	21	2325	VSLVQELLDSGISVDSNFQY	GASZ [59,78]
7	933	LRKLLTQEWVQENYLEYRQA	MAGE-A8 [245,264]	21	2326	TLSSRRRELIQKLKSFISFY	Glypican-3 [383,402]

[0505]

7	934	KLKVAELVHFLLHKYRVKEP	MAGE-A9 [109,128]	21	2327	GVSRQLRTKAWNRQLYPEWT	gp100 [34,53]
7	935	EERAQVRSSVRARRRTTATT	MAGE-B1 [312,331]	21	2328	PPIKKNFYKESTATSAMSKV	HAGE [192,211]
7	936	QRAPTTAAAAAAGVSSTKSK	MAGE-B2 [63,82]	21	2329	WEEFADPFAFIHKIRPIAEQ	JARID1B [39,58]
7	937	IEKKQSFSQGLSSTVQSRTD	MAGE-B3 [90,109]	21	2330	GKTVNELQNLSSAEVVVPRD	KOC1 [507,526]
7	938	NQSSAWTLPRNGLLMPLLSV	MAGE-B4 [188,207]	21	2331	YSQTGYLSSSNIINDGFYDY	KU-CT-1 [556,575]
7	939	IYDGILHSIYGDARKIITED	MAGE-B6 [316,335]	21	2332	LSVHIKNLLKHGASLDNFHF	LIPI [157,176]
7	940	SLLQIPMTSSFSSTLLSIFQ	MAGE-C1 [336,355]	21	2333	AQALQAEEQEAAFFSSTLNV	MAGE-A11 [138,157]
7	941	MIVIKYKDYFPVILKRAREF	MAGE-C2 [169,188]	21	2334	LKGNSATEEEIWKFMNVLGA	MAGE-B1 [210,229]
7	942	EEESLSEVVVPMPSWLIRTR	MORC1 [135,154]	21	2335	LITKDLVQEKYLEYKQVPSS	MAGE-B2 [247,266]
7	943	QKFGDFLQHSPSILQSKAKK	MPHOSPH1 [1731,1750]	21	2336	FPEILKKASFNMEVVFGVDL	MAGE-B3 [149,168]
7	944	TSASGSASGSASTLVHNGTS	MUC-1 [959,978]	21	2337	DPPRYQFLWGPRAHAETSKM	MAGE-B4 [264,283]
7	945	PTPSKPLTSFLIQDILRDGA	NKX3.1 [20,39]	21	2338	DELARFLLLKYQVKQPITKA	MAGE-C1 [913,932]
7	946	MMAWSDNKIFRDRFLYTFYF	NLRP4 [169,188]	21	2339	PEEASDIIYFGRSKKRLSTL	MORC1 [74,93]
7	947	RLADELLFRQIAWIKKLPFF	NR6A1 [289,308]	21	2340	DSDDTLYGSLTNSLNISEFE	MPHOSPH1 [231,250]
7	948	FPKLLRLDGRELSAPVIVDI	NXF2 [350,369]	21	2341	MEKRPVQVLLSSLLRKKMLP	NLRP4 [252,271]
7	949	PKKPSAFKPAIEMQNSVPNK	NY-BR-1 [461,480]	21	2342	KWHSEDEIRITTWRNRKPPE	NXF2 [90,109]
7	950	PNDYTKFVAEYFQERQMLGT	NYD-TSPG [185,204]	21	2343	QIVEFLLIKNANANAVNKYK	NY-BR-1 [130,149]
7	951	KLVEAEMDGAAAAKQVMALK	ODF2 [210,229]	21	2344	TEKFDLSNLQNNYAHLTNSS	NYD-TSPG [282,301]
7	952	MGPNTVGKASQPSFSIKGRS	ODF3 [148,167]	21	2345	VAEALSTLESWRSRYNQVVK	ODF2 [434,453]
7	953	AFILLLVVAFSKKWLDLSRS	ODF4 [91,110]	21	2346	RLWQELSDSLGPVVQVNTWS	PASD1 [691,710]
7	954	LKEKIVLTHNRLKSLMKILS	OIP5 [199,218]	21	2347	PKTMVNISDQTMHSIPTSPS	PEPP2 [527,546]
7	955	EQLEERTWLLHDAIQNQQNA	PASD1 [382,401]	21	2348	YHDMTAGRRSIAGFVASINE	PIWIL1 [634,653]
7	956	NMARGLKYLHQEKKLLHGDI	PBK [149,168]	21	2349	KTPKDSFTMSDGKEITFLEY	PIWIL2 [436,455]
7	957	DLNLEWISLPRSWTYGITRG	PEPP2 [4,23]	21	2350	LLQLWDLKFDTNFLSVPGRV	PIWIL3 [452,471]
7	958	YNPLMEARRLRSALLFQHED	PIWIL1 [136,155]	21	2351	ETQRGETIKMTITLKRELPS	PIWIL4 [178,197]
7	959	LVGNIVITRYNNRTYRIDDV	PIWIL2 [413,432]	21	2352	MLTDVSPEPLQALLERASAT	PRAME [360,379]
7	960	GSEGTVVQLLANHFRVISRP	PIWIL3 [119,138]	21	2353	TLRGAVEPDRYVILGGHRDS	PSMA [361,380]
7	961	QYAHKLTFLVAQSIHKEPSL	PIWIL4 [824,843]	21	2354	LQSVLGSGTNGRVPVLRPLK	RAGE-1 [368,387]
7	962	ETFKAVLDGLDVLLAQEVRP	PRAME [95,114]	21	2355	RSTRDLYATVIHDIQEEEME	SAGE1 [710,729]
7	963	FEGRTRYSRITGGMEAEVGE	PRSS55 [59,78]	21	2356	DGMTIKENIIKVAISNPPQR	SART3 [862,881]
7	964	KYADKIYSISMKHPQEMKTY	PSMA [606,625]	21	2357	DSSETTDLLSMVSEEETLKT	SCP-1 [893,912]
7	965	YDPDERIAAHQALQHPYFQE	RAGE-1 [268,287]	21	2358	KLSLENKLLQLKSSATYGKS	se57-1 [209,228]
7	966	ISSTITRDLYVTATHSVHEE	SAGE1 [660,679]	21	2359	NEKERTRFENLGPQLTGKSN	SOX-6 [539,558]
7	967	EKVHSLFRRQLAIPLYDMEA	SART3 [245,264]	21	2360	PASVPLQAWHPAKEMISKQA	SPAG1 [587,606]
7	968	EQEQSSLRASLEIELSNLKA	SCP-1 [739,758]	21	2361	SIRLDSTLRLYHAHTYQHLQ	SPAG9 [1105,1124]
7	969	NLLTGAQNEFKKEMAMLQKK	SCP3a [195,214]	21	2362	KGVPDLNTRLLVKKLWDTFH	SPO11 [250,269]
7	970	DQEQGRKLRSTMLELEKQGL	SCRN1 [361,380]	21	2363	PDVKEMEKSSFTEYIESPDV	TAF7L [242,261]
7	971	ERKLSLENKLLQLKSSATYG	se57-1 [207,226]	21	2364	VFSKFAQLNLAAEDTRLFAP	TAG-1 [220,239]
7	972	DRKKVIWFVASSFLIGLGSL	SLCO6A1 [167,186]	21	2365	ESVLVGYVDYGNFEILSLMR	TDRD1 [570,589]
7	973	EDAEGSKAMNGSAAKLQQYY	SOX-6 [574,593]	21	2366	IDDTLQTLKLRLRETQDTLQ	TEKT5 [422,441]
7	974	SIPFSNTHYRIPQGFGNLLE	SP17 [2,21]	21	2367	PEHSEAFQASSDTLVAVEKS	TEX14 [1042,1061]
7	975	EPAGSEIADDLSILYSNRAA	SPAG1 [476,495]	21	2368	NPETDVSLVPDASVLSKPIF	TEX15 [2497,2516]
7	976	DEEVVKELMPLVVAVLENLD	SPAG9 [43,62]	21	2369	ILADLIFTDSKLYIPLEYRS	TPTE [109,128]
7	977	EMTEDIMRDRIEQVRRSISR	SPATA19 [130,149]	21	2370	VANRDKEYQSQIALQEKESE	TSGA10 [572,591]
7	978	PTGGSRLASSSEVLASIENI	SPO11 [35,54]	21	2371	SANDPIFLLHHAFVDSIFEQ	TYR [380,399]
7	979	EKRSKAFDDIATYFSKKEWK	SSX-1 [19,38]	22	2372	NRNLTEVPTDLPAYVRNLFL	5T4 [79,98]
7	980	MNGDDAFARRPTVGAQIPEK	SSX-2 [1,20]	22	2373	LVLRPHDVAFLLVYREKSNY	ADAM2 [258,277]
7	981	MNGDDTFARRPTVGAQIPEK	SSX-3 [1,20]	22	2374	FQKLGEYYLQNAFLVAYTKK	AFP [419,438]
7	982	VTLPPFMRSKRAADFHGNDF	SSX-4 [65,84]	22	2375	SDSWAEDLIVSALLLIQYHL	AKAP-3 [520,539]
7	983	KYFSEKEWEKMKASEKIIYV	SSX-5 [30,49]	22	2376	MVYANQVASDMMVSLMKTLK	AKAP-4 [334,353]
7	984	VHLKEILSKKQETLRILRLH	SYCE1 [96,115]	22	2377	RIMVSRSEVDMLKIRSEFKR	ANXA2 [290,309]
7	985	NEGTSSIVMEIQKQIEKKEK	TAF7L [384,403]	22	2378	DVFETHFSKIPIEPVESMPL	BRDT [367,386]
7	986	VSREAILRFGFLQEFSKEER	TAG-1 [121,140]	22	2379	QVFIDVINKLKENVEELIED	CAGE1 [348,367]
7	987	LGVTKEIAIWAERIMFSDLR	TDRD1 [237,256]	22	2380	IYVKQQSDLQFLNFNVENSQ	CCDC62 [288,307]
7	988	TILPTLRSALFSRYSPHDWD	TEKT5 [76,95]	22	2381	KMKDTVQKLKNARQEVVEKY	CDCA1 [257,276]
7	989	PPSLNYIPPVLQLSGGQKPD	TEX14 [796,815]	22	2382	ILHEKKAHDNWSAAWTAERN	CTAGE2 [423,442]
7	990	YGLEHIFFDAAKNLVWKERT	TEX15 [1882,1901]	22	2383	LTETELKFELLEKDPYALDV	cTAGE5 [488,507]
7	991	RPKRFYLEYYNNNRTTPVWP	THEG [199,218]	22	2384	KYASVEASKLKRHVRSHTGE	CTCFL [348,367]
7	992	IALFFLMDVLLRVFVERRQQ	TPTE [133,152]	22	2385	SNNEEGVKLVRMAATQIDSL	CTNNA2 [439,458]
7	993	RRQLDETNDELAQIARERDI	TSGA10 [330,349]	22	2386	RHNVSRVPVYAHITHKALKD	DCAF12 [223,242]
7	994	KSEAPPIYLQVSSYQHWIWD	TSP50 [336,355]	22	2387	QSPEDVYFSKSEQLKPLKTY	EPHA2 [569,588]
7	995	HHNSSLNFFNWFSDHNFAGS	TSPY1 [250,269]	22	2388	QFKKTMSTFHNLVSLNLNYN	FBXO39 [215,234]
7	996	KHTISSDYVIPIGTYGQMKN	TYR [142,161]	22	2389	LREIDEKLKMMKENVLESTS	FSIP1 [382,401]
7	997	IQDVRRVPGVAPTLVRSASE	WT1 [297,316]	22	2390	LITAVQNVITELPVNSQKIT	GASZ [370,389]
7	998	FKWNSDFINHQIIYAGEKNH	ZNF165 [301,320]	22	2391	IHDSIQYVQKNAGKLTTTIG	Glypican-3 [327,346]
8	999	LRHLDLSNNSLVSLTYVSFR	5T4 [236,255]	22	2392	SGYLAEADLSYTWDFGDSSG	gp100 [248,267]
8	1000	PWPERLSNNVEELLQSSLSL	ACRBP [167,186]	22	2393	DLASRGLDVHDVTHVYNFDF	HAGE [545,564]
8	1001	LYPGFTKRLFRELMGDHVSS	ACTL8 [303,322]	22	2394	DQIAKYWELQGSTLKIPHVE	JARID1B [105,124]
8	1002	IFVSFNITIILSSLELWIDE	ADAM2 [215,234]	22	2395	LQELTLYNPERTITVKGNVE	KOC1 [315,334]
8	1003	QKQSSYVGWWIHFRIVEIVV	ADAM29 [185,204]	22	2396	FSWELHISELKFQLKSNVIP	KU-CT-1 [767,786]
8	1004	KLSQKFTKVNFTEIQKLVLD	AFP [242,261]	22	2397	KNKPFYKLQEVKILAQFYND	LIPI [395,414]
8	1005	DAMLRKLYNVMFAKKVPEHV	AKAP-3 [375,394]	22	2398	SSVRARRRTTATTFRARSRA	MAGE-B1 [319,338]
8	1006	MTDSDFVSAVKRNLFNQWKQ	AKAP-4 [398,417]	22	2399	TTAAAAAAGVSSTKSKKGAK	MAGE-B2 [67,86]
8	1007	RYKSYSPYDMLESIRKEVKG	ANXA2 [231,250]	22	2400	GRSRSALKKPQRALSTTTSV	MAGE-B3 [56,75]
8	1008	PSRQTAIIVNPPPPEYINTK	BRDT [4,23]	22	2401	EEERAGARPRVAARRGTTAM	MAGE-B4 [311,330]
8	1009	EVPAQLLDAEGAIKIGSEKS	CABYR [397,416]	22	2402	FPSSTSSSLSQSSPVSSFPS	MAGE-C1 [817,836]

[0506]

8	1010	ADQRLAISHSQIAHLEERNK	CAGE1 [715,734]	22	2403	VVPMPSWLIRTRESVTDDPQ	MORC1 [143,162]
8	1011	TQYDLSEFENIGAIGLELWQ	CALR3 [287,306]	22	2404	QDVKGYSFIKDLQWIQVSDS	MPHOSPH1 [304,323]
8	1012	VEWMSIFKPSKMQRIVRLKS	CCDC62 [532,551]	22	2405	AAPITEIVSQPERLLFVIDS	NLRP4 [213,232]
8	1013	EKTKRLNELKLSVVSLKEIQ	CDCA1 [218,237]	22	2406	NKLKPGQMEMLKLTMNKRYN	NXF2 [207,226]
8	1014	ALLARKQGAGDSLIAGSAMS	CT45 [34,53]	22	2407	ASLTPLLLSITKRSEQIVEF	NY-BR-1 [115,134]
8	1015	ESPDLSISHSQVEQLVNKTS	CT46 [306,325]	22	2408	NNYAHLTNSSINKSGASYEK	NYD-TSPG [292,311]
8	1016	LKEFEKTIHFYQKKIILHEK	CTAGE2 [408,427]	22	2409	LKRLAEADSEKARLLLLLQD	ODF2 [294,313]
8	1017	TLEGERNQIYIQLSEVDKTK	cTAGE5 [328,347]	22	2410	LVQQEQHLKEQQRQLREQLQ	PASD1 [482,501]
8	1018	TLQTVHFTSEAVELQDMSLL	CTCFL [81,100]	22	2411	SNSIKRNPNAPVVRRGWLYK	PEPP2 [159,178]
8	1019	LVYDGVRDIRKAVLMIRTPE	CTNNA2 [615,634]	22	2412	MEARRLRSALLFQHEDLIGK	PIWIL1 [140,159]
8	1020	QQGLPQGDTQLTTVQGVVTS	CXorf48 [26,45]	22	2413	TIGQPTRLRSVAQKILLQIN	PIWIL2 [703,722]
8	1021	TDNNLAVYDLSRDILNNFPH	CXorf61 [53,72]	22	2414	VGQSIHQEPNRSLSTRLFYL	PIWIL3 [863,882]
8	1022	VPPPRFRPRYRRPFRPRPRQ	DBPC [272,291]	22	2415	GLTDQATSDFQLMKAVAEKT	PIWIL4 [384,403]
8	1023	ERGSGIRSVSFYEHIITVGT	DCAF12 [338,357]	22	2416	NSHQDFWTVWSGNRASLYSF	PRAME [127,146]
8	1024	PRMEEKEALVPIQKATDSFH	DKKL1 [141,160]	22	2417	SDIVPPFSAFSPQGMPEGDL	PSMA [155,174]
8	1025	ASEGRMVIQDIPAVTSRGHV	DMRT1 [178,197]	22	2418	LMKEVRRFGQNYERIFILLE	SAGE1 [831,850]
8	1026	KIEVYLRLHRHAYPEQRQDM	DPPA2 [115,134]	22	2419	FIQATDYVEIWQAYLDYLRR	SART3 [411,430]
8	1027	TVNGEQLDLDPGQTLIYYVD	EpCAM [234,253]	22	2420	LSRVYSKLYKEAEKIKKWKV	SCP-1 [102,121]
8	1028	DLEPHMNYTFTVEARNGVSG	EPHA2 [401,420]	22	2421	ESTSAHIIEETEYVKKIRTT	se57-1 [24,43]
8	1029	AKLTKESYPVVVAESMYGDF	FAM46D [192,211]	22	2422	TQVKDEAAAQPLNLSSRPKT	SOX-6 [414,433]
8	1030	LQEYAGNFQGIRFHYDRNPG	FATE1 [98,117]	22	2423	EDYKEKTVIDKSHLSKIETR	SPAG1 [175,194]
8	1031	QILDSLSYMRNENVISELNI	FBXO39 [181,200]	22	2424	QRHTEMIHNYMEHLERTKLH	SPAG9 [161,180]
8	1032	ESLKMRVSKPFGMLMLSIWI	FMR1NB [59,78]	22	2425	MIYKLVQSNTYATKRDIYYT	SPO11 [120,139]
8	1033	ILKQKSIIKLSSERKKEDIE	FSIP1 [416,435]	22	2426	EYLERQLQAEFIESGQYRAN	TAF7L [365,384]
8	1034	HEQVKTIKELGGYVSNLRKI	FTHL17 [140,159]	22	2427	QNRVEVLAGDLRFSKLSLED	TAG-1 [370,389]
8	1035	DENGYTALTWAARQGHKNIV	GASZ [179,198]	22	2428	MFSDLRSLQLKKTMEIKGTV	TDRD1 [251,270]
8	1036	KLESSHSRGSMTALGGASSS	GATA-3 [195,214]	22	2429	ERRSQFPVLHMEVIVHLLLQ	TEX14 [340,359]
8	1037	YYPEDLFIDKKVLKVAHVEH	Glypican-3 [361,380]	22	2430	ELDHLALEWQITPSFESLSQ	TEX15 [320,339]
8	1038	SYTWDFGDSSGTLISRALVV	gp100 [257,276]	22	2431	RLLRLIILLRIFHLFHQKRQ	TPTE [195,214]
8	1039	KALENFKTGKVRILIATDLA	HAGE [528,547]	22	2432	LAENKMAIQSRDVAQFRNVV	TSGA10 [601,620]
8	1040	QRLFENLRMLPHAPGVQMQA	HDAC1 [364,383]; HDAC2 [365,384]	22	2433	RNTLEGFASPLTGIADASQS	TYR [341,360]
8	1041	YGLYKKMIVFKPYQASQHDM	HDAC3 [39,58]	23	2434	LAQLPSLRHLDLSNNSLVSL	5T4 [230,249]
8	1042	NHHSERSRNHLERSLSQSDR	HOM-TES-85 [156,175]	23	2435	VIEGKPYTVNLMQKNFLPHN	ADAM2 [50,69]
8	1043	RKPRPPHTHSYTISHATLER	IGFS11 [394,413]	23	2436	YLQNAFLVAYTKKAPQLTSS	AFP [426,445]
8	1044	TNGSEVQSSWAETTYWISPQ	IL13RA2 [114,133]	23	2437	ERPLASSPPRLYEDDETPGA	AKAP-3 [630,649]
8	1045	GEARLREMEALQSLRLANEG	JARID1B [1146,1165]	23	2438	LIMAKYSNDGAALAELEEQA	AKAP-4 [709,728]
8	1046	QVNTDSETAVVNVTYSSKDQ	KOC1 [112,131]	23	2439	DTTTPATSAVKASSEFSPTF	BRDT [216,235]
8	1047	THEDKIVRRNATMIFGILAS	KU-CT-1 [77,96]	23	2440	KFHWVEAFDDEMTEKPEFQS	CAGE1 [126,145]
8	1048	VLKDFTVSGNLLFMSVRDQD	Lage-1 [122,141]	23	2441	STIEKQRKELQLLIGELKDR	CCDC62 [21,40]
8	1049	GETRLALVQRNVAIMKSIIP	LDHC [103,122]	23	2442	SNSGRLSGPAELRSFNMPSL	cTAGE5 [629,648]
8	1050	LDGAQDSDDSEELNIILQGN	LEMD1 [58,77]	23	2443	ATIIARKSDLRVHMRNLHAY	CTCFL [434,453]
8	1051	DGSFSFKLLNQLGMIEEPRL	LIPI [373,392]	23	2444	FIDASRLVYDGVRDIRKAVL	CTNNA2 [609,628]
8	1052	APEEEIWEELSVMEVYDGRE	MAGE-A1 [209,228]	23	2445	YGSEWSVYAVGSQAHVSFLD	DCAF12 [304,323]
8	1053	DPARYEFLWGPRAHAEIRKM	MAGE-A10 [290,309]	23	2446	IEKVVQMTNDDIKRIGVRLP	EPHA2 [933,952]
8	1054	REDSGDFGLQVSTMFSEDDF	MAGE-A11 [23,42]	23	2447	MYSAELWRYRTITFSGRPSR	FBXO39 [50,69]
8	1055	EEQETASSSSTLVEVTLREV	MAGE-A12 [34,53]	23	2448	DVERNESLIKSGKKPFSNTE	FSIP1 [223,242]
8	1056	EEQQTASSSSTLVEVTLGEV	MAGE-A2 [34,53]	23	2449	FTKNGITSKDQQKILAALKE	GASZ [313,332]
8	1057	SEFQAALSRKVAELVHFLLL	MAGE-A3 [103,122]	23	2450	LGSDINVDDMVNELFDSLFP	Glypican-3 [157,176]
8	1058	DGREHTVYGEPRKLLTQDWV	MAGE-A4 [233,252]	23	2451	ANASFSIALNFPGSQKVLPD	gp100 [80,99]
8	1059	GSDPVRYEFLWGPRALAETS	MAGE-A8 [266,285]	23	2452	QKPTPIQSQAWPIVLQGIDL	HAGE [263,282]
8	1060	ETSYEKVINYLVMLNAREPI	MAGE-A9 [279,298]	23	2453	VPTELVEKEFWRLVSTIEED	JARID1B [401,420]
8	1061	PRAYAETTKMKVLEFLAKMN	MAGE-B1 [274,293]	23	2454	IDVHRKENAGAAEKSITILS	KOC1 [229,248]
8	1062	KASEGLSVVFGLELNKVNPN	MAGE-B2 [155,174]	23	2455	EENKTTLLELGAVEPLTKLL	KU-CT-1 [57,76]
8	1063	FWAKVNKTVPSAFQFWYEEA	MAGE-B3 [291,310]	23	2456	GLDPAGPRFSRKPPYSRLDY	LIPI [202,221]
8	1064	DTTPNNFPLLYEEALRDEEE	MAGE-B4 [294,313]	23	2457	FSQGLSSTVQSRTDPLIMKT	MAGE-B3 [96,115]
8	1065	PHLYEDALIDEVERALRLRA	MAGE-B6 [388,407]	23	2458	VLRDTASSSLAFGIPQEPQR	MAGE-B4 [45,64]
8	1066	IESEPLFTYTLDEKVDELAR	MAGE-C1 [898,917]	23	2459	RELLTKVWVQEHYLEYREVP	MAGE-C1 [1041,1060]
8	1067	KKKVLEFLAKLNNTVPSSFP	MAGE-C2 [311,330]	23	2460	KISEDKLKNLRIKLALLLQK	MORC1 [911,930]
8	1068	EKQRELKTARTLSLFYGVNV	MORC1 [341,360]	23	2461	KMKESDHQIIKRRLRTKTAK	MPHOSPH1 [1801,1820]
8	1069	KKIIETMSSSKLSNVEASKE	MPHOSPH1 [1749,1768]	23	2462	QSTTSVYSSFVFNLFTPEGA	NLRP4 [366,385]
8	1070	AASRYNLTISDVSVSDVPFP	MUC-1 [1128,1147]	23	2463	NVSQQALDLQNLRFDPDLMG	NXF2 [226,245]
8	1071	EAFSRASLVSVYNSYPYYPY	NKX3.1 [203,222]	23	2464	NVDVSSTIYNNEVLHQPLSE	NY-BR-1 [1180,1199]
8	1072	KFKEHLKQMTLQLELKQIPW	NLRP4 [25,44]	23	2465	FELFGFDILIDDNLKPWLLE	NYD-TSPG [367,386]
8	1073	LLSSTWQELILLSSLTVYSK	NR6A1 [319,338]	23	2466	EKAQAKTASELSKSMESMRG	ODF2 [328,347]
8	1074	SETLKHLVLQFLQQYYSIYD	NXF2 [385,404]	23	2467	VAFNQQQLVQQEQHLKEQQR	PASD1 [475,494]
8	1075	AQRKSKSLKINLNYAGDALR	NY-BR-1 [1200,1219]	23	2468	RSMRDDTMWQLYEWQQRQFY	PEPP2 [493,512]
8	1076	LVKRKLVHDIIDLIYLNGLR	NYD-TSPG [402,421]	23	2469	ADGSEVSFLEYYRKQYNQEI	PIWIL1 [335,354]
8	1077	SMQNYVQFLKSSYANVFGDG	ODF2 [792,811]	23	2470	RGPAQRESVGLVSMFRGLGI	PIWIL2 [61,80]
8	1078	SISARTKAFRVDSTPGPAAY	ODF3 [123,142]	23	2471	RNEWYDFFIVSQSVQDGTVT	PIWIL3 [792,811]
8	1079	DLSRSLFYQRWPVDVSNRIH	ODF4 [106,125]	23	2472	NPAAFVRAIQQYVDPDVQLV	PIWIL4 [528,547]
8	1080	SMEWDTQVVKGSSPLGPAGL	OIP5 [36,55]	23	2473	SLFFLRGRLDQLLRHVMNPL	PRAME [305,324]
8	1081	SQGQRGHTSMKAVYVEPAAA	PASD1 [212,231]	23	2474	KLGSGNDFEVFFQRLGIASG	PSMA [514,533]
8	1082	MQKLGFGTGVNVYLMKRSPR	PBK [35,54]	23	2475	YKPDSNEFAVGTKNYSVSAG	SAGE1 [777,796]
8	1083	LHKEKYTLEQALLSASQEIE	PEPP2 [659,678]	23	2476	LQQLEKYKPYEEALLQAEAP	SART3 [289,308]
8	1084	VGQSIHREPNLSLSNRLYYL	PIWIL1 [842,861]	23	2477	TPEIYWKLDSKAVPSQTVSR	SCP-1 [803,822]

[0507]

8	1085	HFWALFYPKRAMDQARELVN	PIWIL2 [604,623]	23	2478	VDGKKLRIGEYKQLMRSRRQ	SOX-6 [700,719]
8	1086	SREIRELPLLNAMPLHSWLI	PIWIL3 [493,512]	23	2479	LPTVVAYNNRAQAEIKLQNW	SPAG1 [239,258]
8	1087	QHKLSLWPGFAISVSYFERK	PIWIL4 [237,256]	23	2480	LMELQEAVRWTEMIRASREN	SPAG9 [522,541]
8	1088	LQALYVDSLFFLRGRLDQLL	PRAME [298,317]	23	2481	LLPSDLKRLNVPKDSLIPLT	SPO11 [313,332]
8	1089	LTSPSMEIKEVASIILHKDF	PRSS55 [129,148]	23	2482	LATSHMDFSTKSVFSKFAQL	TAG-1 [208,227]
8	1090	KRQIYVAAFTVQAAAETLSE	PSMA [729,748]	23	2483	YPRIISDVLIDEHLVLKSAS	TDRD1 [880,899]
8	1091	NILMLHEVVFDRKSGSLALI	RAGE-1 [62,81]	23	2484	WNSQEFIQTLSDDFISVRER	TEX14 [1245,1264]
8	1092	SQPTPDNVLSAVTPELINLA	SAGE1 [402,421]	23	2485	LSRKLDKAVVHLKKAHRRVH	TEX15 [993,1012]
8	1093	QVISVTFEKALNAGFIQATD	SART3 [397,416]	23	2486	SVLDNITTDKILIDVFDGLP	TPTE [452,471]
8	1094	KDKRDYLWTSAKNTLSTPLP	SCP-1 [833,852]	23	2487	AVQELRRQNYSSNAYHMSST	TSGA10 [644,663]
8	1095	QEEKILNMFRQQQKILQQSR	SCP3a [146,165]	23	2488	SPLTGIADASQSSMHNALHI	TYR [349,368]
8	1096	DRDEAWVLETIGKYWAAEKV	SCRN1 [161,180]	24	2489	RHLDLSNNSLVSLTYVSFRN	5T4 [237,256]
8	1097	KKIRTTLQKIRTQMFKDEIR	se57-1 [38,57]	24	2490	IEPLESSVGFEHVIYQVKHK	ADAM2 [127,146]
8	1098	DISSGLVAIFIAFYGDRKKV	SLCO6A1 [152,171]	24	2491	FQTKAATVTKELRESSLLNQ	AFP [202,221]
8	1099	QEMRQFFTVGQQPQIPITTG	SOX-6 [719,738]	24	2492	DDKSGDASRLTSAFPDSLYE	AKAP-3 [697,716]
8	1100	REILREQPDNIPAFAAAYFE	SP17 [25,44]	24	2493	SDMMVSLMKTLKVHSSGKPI	AKAP-4 [342,361]
8	1101	YLSKAERFKMMLTLISKGQK	SPAG1 [875,894]	24	2494	NYDEKRQLSLNINKLPGDKL	BRDT [511,530]
8	1102	AQRKRFTRVEMARVLMERNQ	SPAG9 [498,517]	24	2495	DQLGNEYFRQPPPRSPPLIH	CAGE1 [176,195]
8	1103	EVLEERTRIQFIRWSHTRIF	SPATA19 [106,125]	24	2496	QTALQKTQLQLQEMAQKATH	CCDC62 [104,123]
8	1104	SSDYLSRVYLPNKLKFGGWI	SPO11 [377,396]	24	2497	KSLKSQVAEAKMTFKIFQMN	cTAGE5 [181,200]
8	1105	SYVYMKRNYKAMTKLGFKVT	SSX-1 [47,66]	24	2498	KKGRSKKAHVLAASVEQATQ	CTNNA2 [50,69]
8	1106	WEKMKASEKIFYVYMKRKYE	SSX-2 [37,56]	24	2499	SRERGSGIRSVSFYEHIITV	DCAF12 [336,355]
8	1107	FGRLQGIFPKIMPKKPAEEG	SSX-3 [101,120]	24	2500	LVLAGVGFFIHRRRKNQRAR	EPHA2 [549,568]
8	1108	EVMTKLGFKVTLPPFMRSKR	SSX-4 [56,75]	24	2501	KLARQATNLKVNFFFERIMK	FBXO39 [275,294]
8	1109	RGKHAWTHRVRERKQLVIYE	SSX-5 [159,178]	24	2502	LSAASPTISSFSPRLENRNN	FSIP1 [330,349]
8	1110	KERISALNLQIEEEKNKQRQ	SYCE1 [134,153]	24	2503	KFKKAMTIGDVSLVQELLDS	GASZ [49,68]
8	1111	KQKNEKLISLQEQLQRFLKK	TAF7L [443,462]	24	2504	HQVRSFFQRLQPGLKWVPET	Glypican-3 [36,55]
8	1112	QALAPDFRLNPVRRLIPAAR	TAG-1 [413,432]	24	2505	PSGSWSQKRSFVYVWKTWGQ	gp100 [139,158]
8	1113	SEDDQWYRASVLAYASEESV	TDRD1 [553,572]	24	2506	STDKVIVFVSRKAVADHLSS	HAGE [486,505]
8	1114	IMLLERSIMAKEGPLKVAQT	TEKT5 [374,393]	24	2507	DMRRLIDLGVGLAPYSAVEK	JARID1B [937,956]
8	1115	KDRTMNLQDIRYILKNDLKD	TEX14 [497,516]	24	2508	AIIGKQGQHIKQLSRFAGAS	KOC1 [419,438]
8	1116	ALKSRISWEGLLALDNGEME	TEX15 [712,731]	24	2509	ILETKELNDLHIEALAVIAN	KU-CT-1 [240,259]
8	1117	KPKPHVSDHNRLLHLARPKA	THEG [289,308]	24	2510	AEPLFEQNNSLNVNFNTQKK	LIPI [77,96]
8	1118	DSKLYIPLEYRSISLAIALF	TPTE [117,136]	24	2511	DLVKLKYLEYRQVPNSNPAR	MAGE-B3 [251,270]
8	1119	DDERMEQMSNMTLMKETIST	TSGA10 [155,174]	24	2512	NMLGIYDGKRHLIFGEPRKL	MAGE-B4 [225,244]
8	1120	RGQRPRTSAPSRAGALLLLL	TSP50 [10,29]	24	2513	PGSPSFSSTLLSLFQSSPER	MAGE-C1 [376,395]
8	1121	ESEQAALGEEAVLLLDDIMA	TSPY1 [53,72]	24	2514	RLSTLKFIGQYGNGLKSGSM	MORC1 [89,108]
8	1122	KSYLEQASRIWSWLLGAAMV	TYR [465,484]	24	2515	KSSGQMAQKFSFSKVFGPAT	MPHOSPH1 [104,123]
8	1123	LLLRTPYSSDNLYQMTSQLE	WT1 [215,234]	24	2516	KQKFSRLWSSKSVTEIHLYF	NLRP4 [104,123]
8	1124	KIESQRIISGRISGYISEAS	ZNF165 [201,220]	24	2517	NEWNYTRAGQAFTMLQTEGK	NXF2 [597,616]
9	1125	AYPEKMRNRVLLELNSADLD	5T4 [324,343]	24	2518	KEILEAEIESHHPRLASAVQ	NY-BR-1 [1132,1151]
9	1126	DENSYWRNQNPGSLLQLPHT	ACRBP [303,322]	24	2519	LMAEDEPSGALLKPLVFRVD	NYD-TSPG [73,92]
9	1127	HPDTFSYPIERGRILNWEGV	ACTL8 [59,78]	24	2520	DEMNKEIEAARRQFQSQLAD	ODF2 [576,595]
9	1128	DVAFLLVYREKSNYVGATFQ	ADAM2 [264,283]	24	2521	DSVDLGAAGASAQPLQPSSP	PASD1 [345,364]
9	1129	LFGLEIWTNKNLIVVDDVRK	ADAM29 [245,264]	24	2522	RRGWLYKQDSTGMKLWKKRW	PEPP2 [172,191]
9	1130	QLAVSVILRVAKGYQELLEK	AFP [364,383]	24	2523	WYDFFIVSQAVRSGSVSPTH	PIWIL1 [774,793]
9	1131	LMTDTQFVSAVKRTVFSHGS	AKAP-3 [348,367]	24	2524	LLPELSFMTGIPEKMKKDFR	PIWIL2 [493,512]
9	1132	KEFADSISKGLMVYANQVAS	AKAP-4 [323,342]	24	2525	ALLDHEAKKMSTYLKTISPN	PIWIL3 [733,752]
9	1133	EVDMLKIRSEFKRKYGKSLY	ANXA2 [297,316]	24	2526	VAESSSNTSSRLSVIVVRKK	PIWIL4 [715,734]
9	1134	DEIEIDFETLKASTLRELEK	BRDT [550,569]	24	2527	LAKFSPYLGQMINLRRLLLS	PRAME [249,268]
9	1135	EYSDKTTQFPSVYAVPGTEQ	CABYR [114,133]	24	2528	NDQLMFLERAFIDPLGLPDR	PSMA [665,684]
9	1136	KNKSVSQYLEMDKTLSKKEE	CAGE1 [431,450]	24	2529	MPAMSTRDQHATIIHNLREE	SAGE1 [378,397]
9	1137	NIGAIGLELWQVRSGTIFDN	CALR3 [296,315]	24	2530	EEDEVKAARTRRKVLSRAVA	SART3 [25,44]
9	1138	LHNLRQIYVKQQSDLQFLNF	CCDC62 [282,301]	24	2531	RVQAENSRLEMHFKLKEDYE	SCP-1 [229,248]
9	1139	KNDLYPNPKPEVLHMIYMRA	CDCA1 [33,52]	24	2532	QQPHGVDGKLSSINNMGLNS	SOX-6 [517,536]
9	1140	MMQKPGSNAPVGGNVTSSFS	CT45 [84,103]	24	2533	GTTKTFKIPIEHLDFKYIEK	SPAG1 [13,32]
9	1141	ISTEHQSLVLVKRLLAVSVS	CT46 [20,39]	24	2534	EQKREQYRQVKAHVQKEDGR	SPAG9 [623,642]
9	1142	PPWEQDYRMMFPPPGQSYPD	CTAGE2 [566,585]	24	2535	ARNEAPAFTIDNRSSWENIK	SPO11 [63,82]
9	1143	SVRSRLYVGREKKLALMLSG	cTAGE5 [65,84]	24	2536	EPVQQDMNGILLGYEIRYWK	TAG-1 [834,853]
9	1144	DSKLAVSLAETTGLIKLEEE	CTCFL [166,185]	24	2537	LQKQVEKHEHILLFLLNNST	TDRD1 [1147,1166]
9	1145	NAVVLTVKASYVASTKYQKV	CTNNA2 [874,893]	24	2538	LEAQLHEYVKQGNYVKVKKI	TEX14 [23,42]
9	1146	FIWRAISITPVHKSSSGFQD	CXorf48 [229,248]	24	2539	LVELQMMMETIQFIENKKRH	TEX15 [1690,1709]
9	1147	LEHTLLSKGFRGASPHRKST	CXorf61 [94,113]	24	2540	AARVSPISESVLARLSKFEV	TPTE [49,68]
9	1148	PQRPRNRPYFQRRRQQAPGP	DBPC [316,335]	24	2541	EIQGNVKVLKSERDKIFLLY	TSGA10 [49,68]
9	1149	VVDVQTSQITKIPILKDREP	DCAF12 [114,133]	25	2542	FLLVYREKSNYVGATFQGKM	ADAM2 [267,286]
9	1150	LEGGHWLSEKRHRLQAIRDG	DKKL1 [184,203]	25	2543	EKNIFLASFVHEYSRRHPQL	AFP [346,365]
9	1151	PPSYLGQSVPQFFTFEDAPS	DMRT1 [296,315]	25	2544	FRGQERPDDFTASVSEGIMT	AKAP-3 [268,287]
9	1152	SRKRKAVTKRARLQRSYEMN	DPPA2 [147,166]	25	2545	SQKMDMSNIVLMLIQKLLNE	AKAP-4 [621,640]
9	1153	DSKSLRTALQKEITTRYQLD	EpCAM [158,177]	25	2546	RRRREAMVGTIDMTLQSDIM	BRDT [920,939]
9	1154	RARRPKFADIVSILDKLIRA	EPHA2 [858,877]	25	2547	LEKRVKELQMKITKQQVFID	CAGE1 [333,352]
9	1155	SRFFIDFPHIEEQQKKIESY	FAM46D [264,283]	25	2548	LHDELLFTVEREKRKDELLN	CCDC62 [250,269]
9	1156	LVIAEMMELGSRSRGASQKK	FATE1 [32,51]	25	2549	SENGAYLDNPPKGALKKLIH	cTAGE5 [299,318]
9	1157	EDYFSHHLAVYNSPQFKKTM	FBXO39 [201,220]	25	2550	LANRFKEFGKEMVKLNYVAA	CTNNA2 [172,191]
9	1158	EMENTKKFLSLTAVSEETVG	FSIP1 [168,187]	25	2551	NKNKELGAVSLDGYFHLWKA	DCAF12 [262,281]
9	1159	DKMEHAQKLMRLQNLRGGHI	FTHL17 [62,81]	25	2552	EKDGEFSVLQLVGMLRGIAA	EPHA2 [706,725]
9	1160	GHLITAVQNVITELPVNSQK	GASZ [368,387]	25	2553	ALRVFKARIYTNRYETNEED	FBXO39 [395,414]

[0508]

9	1161	QGNHVPPYYGNSVRATVQRY	GATA-3 [56,75]	25	2554	KELDSQLQDAIQKMKKLDKI	FSIP1 [109,128]
9	1162	KMEEKYQLTARLNMEQLLQS	Glypican-3 [76,95]	25	2555	QLLQSASMELKFLIIQNAAV	Glypican-3 [91,110]
9	1163	MEVTVYHRRGSRSYVPLAHS	gp100 [184,203]	25	2556	LADTNSLAVVSTQLIMPGQE	gp100 [571,590]
9	1164	LMPGFIHLVLQPSLKGQRNR	HAGE [297,316]	25	2557	PSLKGQRNRPGMLVLTPTRE	HAGE [308,327]
9	1165	PYNDYFEYFGPDFKLHISPS	HDAC1 [329,348]; HDAC2 [330,349]	25	2558	LTESKETASAMATLGEARLR	JARID1B [1132,1151]
9	1166	SPTNMQGFTKSLNAFNVGDD	HDAC3 [74,93]	25	2559	RIRKLQIRNIPPHLQWEVLD	KOC1 [79,98]
9	1167	EVSESPGSIQVARGQPAVLP	IGFS11 [24,43]	25	2560	DLRAVLLINSKSYVSPPSSM	KU-CT-1 [597,616]
9	1168	TVEYELKYRNIGSETWKTII	IL13RA2 [66,85]	25	2561	KNLLKHGASLDNFHFIGVSL	LIPI [162,181]
9	1169	FKSDYFNMPVHMVPTELVEK	JARID1B [389,408]	25	2562	ALSTTTSVDVSYKKSYKGAN	MAGE-B3 [68,87]
9	1170	QFEQSETETVHLFIPALSVG	KOC1 [399,418]	25	2563	VAARRGTTAMTSAYSRATSS	MAGE-B4 [321,340]
9	1171	AAYNKLLNNNLSLKYSQTGY	KU-CT-1 [542,561]	25	2564	DVQSPLQNPASSFFSSALLS	MAGE-C1 [123,142]
9	1172	ITMPFSSPMEAELVRRILSR	Lage-1 [92,111]	25	2565	EVKKAEEAVKIAESILKEAQ	MORC1 [288,307]
9	1173	WKNIHKQVIQSAYEIIKLKG	LDHC [227,246]	25	2566	YLAYDETLNVLKFSAIAQKV	MPHOSPH1 [460,479]
9	1174	AARAPSTRITYGTITKERDY	LEMD1 [118,137]	25	2567	GLRKTDFDEETQALLTAEEE	NLRP4 [956,975]
9	1175	NFNTQKKTVWLIHGYRPVGS	LIPI [90,109]	25	2568	SLSALPKTQHDLSSILVDVW	NXF2 [470,489]
9	1176	SDPARYEFLWGPRALAETSY	MAGE-A1 [257,276]	25	2569	VPNKAFELKNEQTLRADPMF	NY-BR-1 [477,496]
9	1177	GSDPRSFPLWYEEALKDEEE	MAGE-A10 [320,339]	25	2570	DETTPAVVQSVLLERGWNKF	NYD-TSPG [92,111]
9	1178	LLTQNWVQEKYLVYRQVPGT	MAGE-A11 [358,377]	25	2571	TVTKSHKRGMKGDTVNVRRS	ODF2 [39,58]
9	1179	AREPFTKAEMLGSVIRNFQD	MAGE-A12 [126,145]	25	2572	GASAQPLQPSSPVAYDIISQ	PASD1 [353,372]
9	1180	APEEKIWEELSMLEVFEGRE	MAGE-A2 [216,235]	25	2573	YTLEQALLSASQEIEMHADN	PEPP2 [664,683]
9	1181	KASSSLQLVFGIELMEVDPI	MAGE-A3 [153,172]	25	2574	KSQGLQISAGFQELSLAERG	PIWIL1 [61,80]
9	1182	PRALAETSYVKVLEHVVRVN	MAGE-A4 [276,295]; MAGE-A8 [278,297]	25	2575	NFYDPTSAMVLQQHRLQIWP	PIWIL2 [342,361]
9	1183	RKVAKLVHFLLLKYRAREPV	MAGE-A6 [111,130]	25	2576	NKLIGSIVLTKYNNKTYRVD	PIWIL3 [316,335]
9	1184	VAELVRFLLRKYQIKEPVTK	MAGE-A8 [116,135]	25	2577	ILPSNQKTYYDSIKKYLSSD	PIWIL4 [550,569]
9	1185	NYKRYFPVIFGKASEFMQVI	MAGE-A9 [141,160]	25	2578	DELFSYLIEKVKRKKNVLRL	PRAME [189,208]
9	1186	DHFTEILNGASRRLELVFGL	MAGE-B1 [144,163]	25	2579	YDVLLSYPNKTHPNYISIIN	PSMA [113,132]
9	1187	TKGEMLKIVGKRFREHFPEI	MAGE-B2 [133,152]	25	2580	AFINMAATGVSSMSTRDQYA	SAGE1 [604,623]
9	1188	ILKKASFNMEVVFGVDLKKV	MAGE-B3 [152,171]	25	2581	YVEFKEEKSALQALEMDRKS	SART3 [750,769]
9	1189	EPTTKAEMLKIISKKYKEHF	MAGE-B4 [128,147]	25	2582	SEEETLKTLYRNNNPPASHL	SCP-1 [905,924]
9	1190	EYKPYFPQILNRTSQHLVVA	MAGE-B6 [228,247]	25	2583	KQIEQLYAAQLASMQVSPGA	SOX-6 [364,383]
9	1191	PVSSSFSYTLLSLFQSSPER	MAGE-C1 [446,465]	25	2584	RKDKPAATAASFTAEEWEKI	SPAG1 [76,95]
9	1192	EEPVTEAEMLMIVIKYKDYF	MAGE-C2 [159,178]	25	2585	ESLFEELSSAGSGLIGDVDE	SPAG9 [380,399]
9	1193	RAQLRLDFIHANSTTHSFLF	MORC1 [10,29]	25	2586	IPLTKRDQMKLDSILRRPYV	SPO11 [329,348]
9	1194	EENIGILPRTLNVLFDSLQE	MPHOSPH1 [166,185]	25	2587	SPPATYRWKMNGTEMKLEPG	TAG-1 [66,85]
9	1195	TDYYQELQRDISEMFLQIYK	MUC-1 [1063,1082]	25	2588	RPAKSKKLNKLVENSLSISN	TDRD1 [135,154]
9	1196	HQKYLSAPERAHLAKNLKLT	NKX3.1 [145,164]	25	2589	QLYNWAAPEVILQKAATVKS	TEX14 [418,437]
9	1197	SFFSDFGLMWYLEELKKEEF	NLRP4 [4,23]	25	2590	ELQTYHDQLVELLEETKREK	TEX15 [1758,1777]
9	1198	SDEGMEVIERLIYLYHKFHQ	NR6A1 [362,381]	25	2591	FHNRVVRIMIDDHNVPTLHQ	TPTE [295,314]
9	1199	PSLSQEQQEMVQAFSAQSGM	NXF2 [566,585]	25	2592	KQKVQDTNLEVNKLKNILKS	TSGA10 [386,405]
9	1200	QLKVLIAENTMLTSKLKEKQ	NY-BR-1 [1111,1130]	26	2593	RVSGSSQSPPNLKYKSTLKI	AKAP-3 [201,220]
9	1201	STQSQALGSLRTTTPAFTLN	NYD-TSPG [9,28]	26	2594	DEAVGKVARKQLLDWLLANL	AKAP-4 [835,854]
9	1202	KNYEGMIDNYKSQVMKTRLE	ODF2 [537,556]	26	2595	LQLPDYYTIIKNPMDLNTIK	BRDT [61,80]
9	1203	TKYVFDSAPSHSISARTKAF	ODF3 [112,131]	26	2596	NVEELIEDKYKIILEKNDTK	CAGE1 [360,379]
9	1204	STLMLFPINIWIFELERNVS	ODF4 [157,176]	26	2597	DAPAFNEKASIVLPSQDDFS	CCDC62 [610,629]
9	1205	DQASFTTSMEWDTQVVKGSS	OIP5 [29,48]	26	2598	RANRDYVFKQVQEAIAGISN	CTNNA2 [237,256]
9	1206	TSNSEAISSSSIPQFPITSD	PASD1 [658,677]	26	2599	WVYRGEAERIFIELKFTVRD	EPHA2 [85,104]
9	1207	NDHYRSVYQKRLMDEAKILK	PBK [71,90]	26	2600	QRREKEIKKQGLEMRIKLWE	FSIP1 [133,152]
9	1208	RSVPAGLTLQSVSPQSLQGK	PEPP2 [595,614]	26	2601	ELKFLIIQNAAVFQEAFEIV	Glypican-3 [99,118]
9	1209	LQFYNIIFRRLLKIMNLQQI	PIWIL1 [209,228]	26	2602	EKVPVSEVMGTTLAEMSTPE	gp100 [377,396]
9	1210	RTDGGLFLLADVSHKVIRND	PIWIL2 [369,388]	26	2603	GRTGRAGRTGVSITTLTRND	HAGE [576,595]
9	1211	KKMSTYLKTISPNNFTLAFI	PIWIL3 [740,759]	26	2604	NLNNMPVMEQSVLAHITADI	JARID1B [460,479]
9	1212	VAGSMGFNVDYPKIIKVQEN	PIWIL4 [509,528]	26	2605	VNTDSETAVVNVTYSSKDQA	KOC1 [113,132]
9	1213	SISISALQSLLQHLIGLSNL	PRAME [417,436]	26	2606	KIPKEKLPDFSWELHISELK	KU-CT-1 [758,777]
9	1214	LYSEELFPEELSVVLGTNDL	PRSS55 [110,129]	26	2607	ERMEGRPLRTTVFLDTSGTY	LIPI [334,353]
9	1215	RPFYRHVIYAPSSHNKYAGE	PSMA [684,703]	26	2608	RAGREHFAFGEPRELLTKVW	MAGE-C1 [1029,1048]
9	1216	VYSKQPYTEYISTRWYRAPE	RAGE-1 [152,171]	26	2609	PLNSFQYQRRQAMGIPFIIQ	MORC1 [466,485]
9	1217	NVLSGLINMAGASIPAMSSR	SAGE1 [459,478]	26	2610	VSLDSNSNSKILNVKRATIS	MPHOSPH1 [502,521]
9	1218	RTRRKVLSRAVAAATYKTMG	SART3 [33,52]	26	2611	FVKQAVNLLQEANFHIIDNV	NLRP4 [565,584]
9	1219	GAIRKMREDRWAVIAKMDRK	SCP-1 [946,965]	26	2612	VEMRDVHKDQQLRHTPYSIR	NXF2 [65,84]
9	1220	LQKKIMMETQQQEIASVRKS	SCP3a [211,230]	26	2613	ELEVKQQLEQALRIQDIELK	NY-BR-1 [1006,1025]
9	1221	EIEALLGMDLVRLGLERGET	SCRN1 [103,122]	26	2614	STDVLVKRKLVHDIIDLIYL	NYD-TSPG [398,417]
9	1222	EKEKRTLLERKLSLENKLLQ	se57-1 [199,218]	26	2615	QLADLQQLPDILKITEAKLA	ODF2 [592,611]
9	1223	PGSTRIKARKRKQLHFFDSR	SLCO6A1 [340,359]	26	2616	VAENISSLLGHLPAEIVGKK	PASD1 [57,76]
9	1224	EGSDQHVASHLPLHPIMHNK	SOX-6 [31,50]	26	2617	TLRKTKKMMDLRTERPRSAV	PEPP2 [868,887]
9	1225	GKYSAAIALLEPAGSEIADD	SPAG1 [466,485]	26	2618	NEYMPSRIIVYRDGVGDGQL	PIWIL1 [690,709]
9	1226	KTRDGGSVVGASVFYKDVAG	SPAG9 [699,718]	26	2619	RTLGRGSSDASLLPLGRAAG	PIWIL2 [142,161]
9	1227	QDIHVTRDVVKHHLSKSDLL	SPATA19 [81,100]	26	2620	ERRIGGVFQDLVVNTRQDMK	PIWIL3 [92,111]
9	1228	ADSKMKAEIQALTFLSSDYL	SPO11 [362,381]	26	2621	QLYQYHVTYIPDLASRRLRI	PIWIL4 [122,141]
9	1229	AFDDIATYFSKKEWKKMKYS	SSX-1 [24,43]	26	2622	SRYISMSVWTSPRRLVELAG	PRAME [12,31]
9	1230	PNRGNQVERPQMTFGRLQGI	SSX-2 [88,107]	26	2623	LQDFDKSNPIVLRMMNDQLM	PSMA [650,669]
9	1231	AQIPEKIQKAFDDIAKYFSK	SSX-3 [15,34]	26	2624	GIPSMSTKDLYATVTQNVHE	SAGE1 [518,537]
9	1232	WEKMKSSEKIVYVYMKLNYE	SSX-4 [37,56]	26	2625	NEQRMKAAEKEAALVQQEEE	SART3 [577,596]
9	1233	NGDDAFVRRPRVGSQIPEKM	SSX-5 [2,21]	26	2626	KMKDLTFLLEESRDKVNQLE	SCP-1 [281,300]
9	1234	KIEDLMEMVQKLQKVGSLEP	SYCE1 [32,51]	26	2627	SLYSFRNTSTSPHKPDEGSR	SOX-6 [88,107]

[0509]

9	1235	KDKLKIDLLPDGRHAVVEVE	TAF7L [126,145]	26	2628	RSGQFAEAAGKYSAAIALLE	SPAG1 [457,476]
9	1236	TDGRHFVSQTTGNLYIARTN	TAG-1 [179,198]	26	2629	LMPLVVAVLENLDSVFAQDQ	SPAG9 [50,69]
9	1237	TADELRMISSTFLNLPFQGI	TDRD1 [807,826]	26	2630	SSSEVLASIENIIQDIITSL	SPO11 [43,62]
9	1238	LQVRGAEASRLWASRLTDDS	TEKT5 [100,119]	26	2631	FAFGNPVPRIKWRKVDGSLS	TAG-1 [262,281]
9	1239	LVYERITIGTLFSVLHERRS	TEX14 [324,343]	26	2632	NSGKLLDHVLIEMGYGLKPS	TDRD1 [431,450]
9	1240	KQRFRGMLWFDLSLLPELVQ	TEX15 [2085,2104]	26	2633	KAVVSGNYLEADVRLPKPYY	TEX14 [466,485]
9	1241	PSTTMTKARKRRRRRRLMEL	THEG [112,131]	26	2634	NIHTSLAIAQKLMELKLGKI	TEX15 [351,370]
9	1242	MDVLLRVFVERRQQYFSDLF	TPTE [139,158]	26	2635	IYSIPRYVRDLKIQIEMEKK	TPTE [421,440]
9	1243	DKKSENIASLGESLAMKEKT	TSGA10 [278,297]	26	2636	RMEQMSNMTLMKETISTVEK	TSGA10 [158,177]
9	1244	IDQMTQTASDVPVLQVIMHS	TSP50 [171,190]	27	2637	KDTTIATILLKKVLLKHAKE	AKAP-3 [309,328]
9	1245	TPESAPEELLAVQVELEPVN	TSPY1 [104,123]	27	2638	MMAYSDTTMMSDDIDWLRSH	AKAP-4 [1,20]
9	1246	FLLHHAFVDSIFEQWLRRHR	TYR [386,405]	27	2639	GLHNYYDVVKNPMDLGTIKE	BRDT [305,324]
9	1247	ELVRHHNMHQRNMTKLQLAL	WT1 [430,449]	27	2640	KKTLQNLEEVLANTQKHLQE	CAGE1 [379,398]
9	1248	GRAFSQSSNLSQHQRIHMRE	ZNF165 [462,481]	27	2641	ITLSSIFTKDLVEKHNLPWS	CCDC62 [393,412]
10	1249	AFARRPPLAELAALNLSGSR	5T4 [110,129]	27	2642	STKYQKVYGTAAVNSPVVSW	CTNNA2 [887,906]
10	1250	LQNETYSALSPGKSEDVVLR	ACRBP [510,529]	27	2643	VMWEVMTYGERPYWELSNHE	EPHA2 [806,825]
10	1251	SNTYQLPDGSRVELTPMQRV	ACTL8 [235,254]	27	2644	EGDQSGWVVPVKGYELAVTQ	FSIP1 [297,316]
10	1252	VILAQLLSLSMGITYDDINK	ADAM2 [309,328]	27	2645	VIYTQLMNPGLPDSALDINE	Glypican-3 [177,196]
10	1253	PFGGQKHIIHIKVKKLLFSK	ADAM29 [57,76]	27	2646	PDGQVIWVNNTIINGSQVWG	gp100 [98,117]
10	1254	LQTMKQEFLINLVKQKPQIT	AFP [545,564]	27	2647	PEELVSMAERFKAHQQKREM	HAGE [614,633]
10	1255	YDSDSWAEDLIVSALLLIQY	AKAP-3 [518,537]	27	2648	HVERKILDLFQLNKLVAEEG	JARID1B [122,141]
10	1256	DIMEAMLKRLVSALIGEEKE	AKAP-4 [421,440]	27	2649	PKDVFDPLMIESKKAATVVL	KU-CT-1 [13,32]
10	1257	AQRQDIAFAYQRRTKKELAS	ANXA2 [66,85]	27	2650	ATTFIYNRAVKNTRKVAVSL	LIPI [138,157]
10	1258	PNHHQLAFNYQELEHLQTVK	BRDT [732,751]	27	2651	SVLQIPVSAASSSTLVSIFQ	MAGE-C1 [161,180]
10	1259	PAQLAAQMLGKVSSIHSDQS	CABYR [172,191]	27	2652	GVNVENRSQAGMFIYSNNRL	MORC1 [357,376]
10	1260	SDEAKSIRDVPTLLGAKLDK	CAGE1 [674,693]	27	2653	ILQIEDSEMSRVIRVSELSL	MPHOSPH1 [359,378]
10	1261	QDWEKHFLDASTSKQSDWNG	CALR3 [226,245]	27	2654	LKKEEFRKFKEHLKQMTLQL	NLRP4 [18,37]
10	1262	TSKLQRLLAESRQMVTDLEL	CCDC62 [631,650]	27	2655	LSDITEKAPKVKTLNLSKNK	NXF2 [288,307]
10	1263	MIVKKEKLATAQFKINKKHE	CDCA1 [345,364]	27	2656	AFKPAIEMQNSVPNKAFELK	NY-BR-1 [466,485]
10	1264	AQLQRTPMSALVFPNKISTE	CT46 [4,23]	27	2657	YNEDDSVVEKAVSVRPEAAP	NYD-TSPG [465,484]
10	1265	VAEAKMTFKRFQANEERLEI	CTAGE2 [157,176]	27	2658	HELAETEHENTVLRHNIERM	ODF2 [167,186]
10	1266	MAATEISVLSEQFTKIKELE	CTCFL [1,20]	27	2659	DKVNPKSSQRKLNWIPSFPT	PASD1 [10,29]
10	1267	ADMADVMRLLSHLKIVEEAL	CTNNA2 [141,160]	27	2660	EEETRGVISYQTLPRNMPSH	PEPP2 [427,446]
10	1268	VEEDKPHYGLRAIKVDVVPR	CXorf48 [80,99]	27	2661	IDVEVTRPEWYDFFIVSQAV	PIWIL1 [765,784]
10	1269	SGLINSNTDNNLAVYDLSRD	CXorf61 [46,65]	27	2662	AFDGSILYLPVKLQQVLELK	PIWIL2 [273,292]
10	1270	VPVKGSRYAPNRRKSRRFIP	DBPC [166,185]	27	2663	GSKITYIDYYRQQHKEIVTV	PIWIL3 [352,371]
10	1271	FHLWKAENTLSKLLSTKLPY	DCAF12 [276,295]	27	2664	LKKKRNDNSEAQLAHLIPEL	PIWIL4 [360,379]
10	1272	KMTDNKTGEVLISENVVASI	DKKL1 [108,127]	27	2665	PMQDIKMILKMVQLDSIEDL	PRAME [219,238]
10	1273	TYYSSFYQPSLFPYYNNLYN	DMRT1 [208,227]	27	2666	FSTQKVKMHIHSTNEVTRIY	PSMA [337,356]
10	1274	VRTYWIIIELKHKAREKPYD	EpCAM [139,158]	27	2667	PPEELHAAAYVFTNDGQQMR	SAGE1 [13,32]
10	1275	PPQQSRVWKYEVTYRKKGDS	EPHA2 [460,479]	27	2668	RQKMSEIFPLTEELWLEWLH	SART3 [135,154]
10	1276	EQQKKIESYLHNHFIGEGMT	FAM46D [275,294]	27	2669	ESKKKRKMAFEFDINSDSSE	SCP-1 [877,896]
10	1277	PNTKAEMEMSLAEELNHGRQ	FATE1 [6,25]	27	2670	SKDWKEKMERLNTSELLGEI	SOX-6 [158,177]
10	1278	FERIMKYERLARILLQEIPI	FBXO39 [289,308]	27	2671	HPFSMKPLLRRAMAYETLEQ	SPAG1 [517,536]
10	1279	PVKGYELAVTQHQQLAEIDI	FSIP1 [306,325]	27	2672	NEQLITQYEREKALRKHAEE	SPAG9 [82,101]
10	1280	EAGLAEYLFDKLTLGGRVKE	FTHL17 [163,182]	27	2673	AVPSNIQGIRNLVTDAKFVL	SPO11 [202,221]
10	1281	EKDHIFSSYTAFGDLEVFLH	GASZ [265,284]	27	2674	STGILSVRDATKITLAPSSA	TAG-1 [499,518]
10	1282	SSFNPAALSRHMSSLSHISP	GATA-3 [390,409]	27	2675	KEILPNGHVKVHFVDYGNIE	TDRD1 [785,804]
10	1283	ARRDLKVFGNFPKLIMTQVS	Glypican-3 [201,220]	27	2676	PPPSQELLDDIELLKQQQGS	TEX14 [1331,1350]
10	1284	SLIYRRRLMKQDFSVPQLPH	gp100 [613,632]	27	2677	ENQIDTAFLSSTSKYEKLEK	TEX15 [1188,1207]
10	1285	IKNIQSTTNTTIQIIQEQPE	HAGE [90,109]	27	2678	KQKARRIYPSDFAVEILFGE	TPTE [520,539]
10	1286	TYETAVALDTEIPNELPYND	HDAC1 [313,332]	27	2679	QSQIALQEKESEIQLLKEHL	TSGA10 [580,599]
10	1287	LDQIRQTIFENLKMLNHAPS	HDAC3 [355,374]	28	2680	VFSHGSQKATDIMDAMLRKL	AKAP-3 [362,381]
10	1288	LGQSFSFHSGNANIPSIYAN	IGFS11 [341,360]	28	2681	NSSDDSEDERVKRLAKLQEQ	BRDT [410,429]
10	1289	VNGSSENKPIRSSYFTFQLQ	IL13RA2 [214,233]	28	2682	NIENYSTNALIQPVDTISIS	CAGE1 [97,116]
10	1290	SIPVHLNSLPRLETLVAEVQ	JARID1B [1048,1067]	28	2683	ELNDMVAVHQQQLLSWEEDR	CCDC62 [43,62]
10	1291	EEVKLEAHIRVPSFAAGRVI	KOC1 [484,503]	28	2684	NEFDNKIILDPMTFSEARFR	CTNNA2 [281,300]
10	1292	LQEPSDLRAVLLINSKSYVS	KU-CT-1 [592,611]	28	2685	IVSILDKLIRAPDSLKTLAD	EPHA2 [867,886]
10	1293	EALFKKSAETLWNIQKDLIF	LDHC [313,332]	28	2686	GSRSSNASLEVLSTEPGSFK	FSIP1 [23,42]
10	1294	LQEVKILAQFYNDFVNISSI	LIPI [402,421]	28	2687	FTDVSLYILGSDINVDDMVN	Glypican-3 [149,168]
10	1295	AREPVTKAEMLESVIKNYKH	MAGE-A1 [119,138]	28	2688	RSYVPLAHSSSAFTITDQVP	gp100 [195,214]
10	1296	LVQFLLFKYQMKEPITKAEI	MAGE-A10 [141,160]	28	2689	LLMEAQLLQVSLPEIQELYQ	JARID1B [1349,1368]
10	1297	TVRPADLTRVIMPLEQRSQH	MAGE-A11 [100,119]	28	2690	PVIQLLALKTLGVIANDKES	KU-CT-1 [205,224]
10	1298	PRKLLTQDLVQENYLEYRQV	MAGE-A12 [242,261]	28	2691	FSFKLLNQLGMIEEPRLYEK	LIPI [376,395]
10	1299	EEGPRMFPDLESEFQAAISR	MAGE-A2 [92,111]	28	2692	QSPPEGENTHSPLQIVPSLP	MAGE-C1 [518,537]
10	1300	GSVVGNWQYFFPVIFSKASS	MAGE-A3 [137,156]	28	2693	EGDLEQTDTYLEALLKEDNL	MORC1 [937,956]
10	1301	GSNPARYEFLWGPRALAETS	MAGE-A4 [264,283]	28	2694	NMANSIKFSVWVSFFEIYNE	MPHOSPH1 [262,281]
10	1302	KASDSLQLVFGIELMEVDPI	MAGE-A6 [153,172]	28	2695	HYEEQQAWNITLRIFQKMDR	NLRP4 [62,81]
10	1303	AEMLESVIKNYKRYFPVIFG	MAGE-A9 [132,151]	28	2696	LLRRTKRDIVDSLSALPKTQ	NXF2 [459,478]
10	1304	LNGASRRLELVFGLDLKEDN	MAGE-B1 [150,169]	28	2697	ANILIDSGADINLVDVYGNT	NY-BR-1 [66,85]
10	1305	NSATEEEIWEFLNMLGVYDG	MAGE-B2 [216,235]	28	2698	TDINTLTRQKELLLQKLSTF	ODF2 [244,263]
10	1306	EPRKLITQDLVKLKYLEYRQ	MAGE-B3 [243,262]	28	2699	TQLLQQLYTSKAVSDEAVLT	PASD1 [178,197]
10	1307	LNMLGIYDGKRHLIFGEPRK	MAGE-B4 [224,243]	28	2700	KQDSTGMKLWKKRWFVLSDL	PEPP2 [178,197]
10	1308	ARKIITEDLVQDKYVVYRQV	MAGE-B6 [328,347]	28	2701	LFLPKRLQQKVTEVFSKTRN	PIWIL1 [168,187]
10	1309	KQPITKAEMLTNVISRYTGY	MAGE-C1 [926,945]	28	2702	HRPSERQDNHGMLLKGEILL	PIWIL2 [474,493]
10	1310	PHSSPPYYEFLWGPRAHSES	MAGE-C2 [290,309]	28	2703	PMGITMKPAEMIEVDGDANS	PIWIL3 [535,554]

[0510]

10	1311	LKSGSMRIGKDFILFTKKEE	MORC1 [103,122]	28	2704	ASRRLRIALLYSHSELSNKA	PIWIL4 [135,154]
10	1312	QKWREERDQLVAALEIQLKA	MPHOSPH1 [1516,1535]	28	2705	RLSEGDVMHLSQSPSVSQLS	PRAME [333,352]
10	1313	DNRPALGSTAPPVHNVTSAS	MUC-1 [943,962]	28	2706	SGKIVIARYGKVFRGNKVKN	PSMA [197,216]
10	1314	AFSHTQVIELERKFSHQKYL	NKX3.1 [130,149]	28	2707	RHSSSKRRKSMSSWLDKQED	SAGE1 [55,74]
10	1315	FKDPKRAMEAFNLVRESEQL	NLRP4 [315,334]	28	2708	YVEIWQAYLDYLRRRVDFKQ	SART3 [417,436]
10	1316	PSPGSTLSSSRSVELNGFMA	NR6A1 [190,209]	28	2709	AVPSQTVSRNFTSVDHGISK	SCP-1 [814,833]
10	1317	TMNKRYNVSQQALDLQNLRF	NXF2 [220,239]	28	2710	IGGSLGRGSSLDILSSLNSP	SOX-6 [468,487]
10	1318	IEVHNKASLTPLLLSITKRS	NY-BR-1 [109,128]	28	2711	NWREKLSPIPAVPASVPLQA	SPAG1 [575,594]
10	1319	SDFKDFIFDDMYIVQKYISN	NYD-TSPG [226,245]	28	2712	AATSPSTNGASPVMDKPPEM	SPAG9 [855,874]
10	1320	FKLENERLKASFAPMEDKLN	ODF2 [504,523]	28	2713	RKEMEIMADSKMKAEIQALT	SPO11 [355,374]
10	1321	RTGKDLGPAYSILGRYQTKT	ODF3 [78,97]	28	2714	LVSSSAWSSALGSQTTFGPV	TAG-1 [19,38]
10	1322	YFNHKSFWSLILSHPSGAVS	ODF4 [201,220]	28	2715	YGNIEEVTADELRMISSTFL	TDRD1 [800,819]
10	1323	IVNASEMDIQNVPLSEKIAE	OIP5 [179,198]	28	2716	RVQRYGLHPDVNVYLGLTSE	TEX14 [530,549]
10	1324	SIPQFPITSDSTISTLETPQ	PASD1 [668,687]	28	2717	DSQSDLTLHSEIAYISKPGI	TEX15 [1550,1569]
10	1325	MDEAKILKSLHHPNIVGYRA	PBK [83,102]	28	2718	GVKTPSQKRYVAYFAQVKHL	TPTE [384,403]
10	1326	YNVTSDYAVHPMSPVGRTSR	PEPP2 [128,147]	29	2719	VSALLLIQYHLAQGGRRDAR	AKAP-3 [529,548]
10	1327	RDWGLSFDSNLLSFSGRILQ	PIWIL1 [439,458]	29	2720	KPGDDIVLMAQALEKLFMQK	BRDT [110,129]
10	1328	RINLKNTSFITSQELNWVKE	PIWIL2 [572,591]	29	2721	EERNKHLEDLIRKPREKARK	CAGE1 [730,749]
10	1329	DVSHKLLRIETAYDFIKRTS	PIWIL3 [283,302]	29	2722	NHPKVDIKREKNQKSLFKDQ	CCDC62 [337,356]
10	1330	PGFAISVSYFERKLLFSADV	PIWIL4 [244,263]	29	2723	DGVRDIRKAVLMIRTPEELE	CTNNA2 [618,637]
10	1331	KLPTLAKFSPYLGQMINLRR	PRAME [245,264]	29	2724	KEVPVAIKTLKAGYTEKQRV	EPHA2 [639,658]
10	1332	LVNYNLWIEKVTQLEGRPFN	PRSS55 [288,307]	29	2725	VVMVDREKKRLVELLKDLDE	FSIP1 [269,288]
10	1333	LKKEGWRPRRTILFASWDAE	PSMA [405,424]	29	2726	YQLTARLNMEQLLQSASMEL	Glypican-3 [81,100]
10	1334	YVMELPKLKLSGVVRLSSYS	RAGE-1 [345,364]	29	2727	PSAAELQDLLDVSFEFDVEL	JARID1B [885,904]
10	1335	FGQNYERIFILLEEVQGSMK	SAGE1 [838,857]	29	2728	LVRGEYGRAWNEVMLQNDSR	KU-CT-1 [815,834]
10	1336	EKALNAGFIQATDYVEIWQA	SART3 [404,423]	29	2729	SLTDSESLIESEPLFTYTLD	MAGE-C1 [890,909]
10	1337	ESKQLNVYEIKVNKLELELE	SCP-1 [632,651]	29	2730	MKRSSSLPSWKSLLNVPMED	MORC1 [764,783]
10	1338	GEVQNMLEGVGVDINKALLA	SCP3a [68,87]	29	2731	LKLGIKHQSVAFTKLNNASS	MPHOSPH1 [330,349]
10	1339	FTGTPDPSRSIFKPFIFVDD	SCRN1 [294,313]	29	2732	DLRRNGVVDADIPALLGTKI	NLRP4 [418,437]
10	1340	YESTSAHIIEETEYVKKIRT	se57-1 [23,42]	29	2733	PPEKPSAFEPAIEMQKSVPN	NY-BR-1 [698,717]
10	1341	RKRKQLHFFDSRLKDLKLGT	SLCO6A1 [348,367]	29	2734	EQLHVQLADKDLYVAEALST	ODF2 [421,440]
10	1342	TGGATVAEARVYRDARGRAS	SOX-6 [597,616]	29	2735	VEQYGPQENVHMFVDSDSTY	PASD1 [247,266]
10	1343	IAKPNNAYEFGQIINALSTR	SPAG1 [800,819]	29	2736	DRPLTKINSVKLNSLPSEYE	PEPP2 [335,354]
10	1344	GYRNKIYVVQPKAMKIEKSF	SPAG9 [1063,1082]	29	2737	GVGDGQLKTLVNYEVPQFLD	PIWIL1 [703,722]
10	1345	DIMRDRIEQVRRSISRLTDV	SPATA19 [134,153]	29	2738	SINLTLTKWYSRVVFQMPHQ	PIWIL2 [763,782]
10	1346	DVLDRHRESLLAALRRGGRE	SPO11 [14,33]	29	2739	LAFIVVKKRINTRFFLKHGS	PIWIL3 [756,775]
10	1347	DNDHNRRIQVEHPQMTFGRL	SSX-1 [85,104]	29	2740	ASSSNGFLGTSRISTNDKYG	PIWIL4 [40,59]
10	1348	PNRGNQVQRPQMTFGRLQGI	SSX-3 [88,107]	29	2741	SLSGVMLTDVSPEPLQALLE	PRAME [355,374]
10	1349	HRLRERKQLVVYEEISDPEE	SSX-4 [166,185]	29	2742	MPEGDLVYVNYARTEDFFKL	PSMA [169,188]
10	1350	QIPEKMQKAFDDIAKYFSEK	SSX-5 [16,35]	29	2743	TNDGQQMRSDEVNLVATGHQ	SAGE1 [25,44]
10	1351	LQIEEEKNKQRQLRLAFEEQ	SYCE1 [142,161]	29	2744	AHGTVKDLRLVTNRAGKPKG	SART3 [823,842]
10	1352	GSIPGFLISSGMSSHKQGHT	TAF7L [295,314]	29	2745	ESNKARAAHSFVVTEFETTV	SCP-1 [365,384]
10	1353	GLSYRWLLNEFPNFIPTDGR	TAG-1 [163,182]	29	2746	LNSPALFGDQDTVMKAIQEA	SOX-6 [484,503]
10	1354	IISDVLIDEHLVLKSASPHK	TDRD1 [883,902]	29	2747	LAITAPKDLPMFLSNKLEGD	SPAG1 [829,848]
10	1355	FQAENTIMLLERSIMAKEGP	TEKT5 [368,387]	29	2748	MSERVSGLAGSIYREFERLI	SPAG9 [20,39]
10	1356	WKRLGWSESSRIIVLDQSDL	TEX14 [1476,1495]	29	2749	SGPSSKIRTREAAPSVAPSG	TAG-1 [697,716]
10	1357	TKREKNSYYVFLKYKRQVNE	TEX15 [1773,1792]	29	2750	EIIPLNRIYHLNRNIDLFPP	TDRD1 [355,374]
10	1358	RSSLEYRASSRLKELAAPKI	THEG [221,240]	29	2751	DIPWKGLDGSVVKKAVVSGN	TEX14 [453,472]
10	1359	QKRYVAYFAQVKHLYNWNLP	TPTE [390,409]	29	2752	TPKKVEMQRSLPGSLLPLEN	TEX15 [2384,2403]
10	1360	ENELDSAHSEIELLRSQMAN	TSGA10 [540,559]	29	2753	HLFHQKRQLEKLIRRRVSEN	TPTE [207,226]
10	1361	DIGLLKLKQELKYSNYVRPI	TSP50 [206,225]	30	2754	SFYANRLTNLVIAMARKEIN	AKAP-3 [125,144]
10	1362	SNPYFQNKVITKEYLVNITE	TSPY1 [207,226]	30	2755	SVFPKTSISPLNVVQGASVN	BRDT [179,198]
10	1363	PAFLPWHRLFLLRWEQEIQK	TYR [205,224]	30	2756	LSKKEEEVERLQQLKKELEK	CAGE1 [445,464]
10	1364	AQYRIHTHGVFRGIQDVRRV	WT1 [284,303]	30	2757	QAFLRHPDVAATRANRDYVF	CTNNA2 [225,244]
10	1365	EHGQEIFQKKVSPPGPALNV	ZNF165 [142,161]	30	2758	LDDLAPDTTYLVQVQALTQE	EPHA2 [494,513]
11	1366	DERQNRSFEGMVVAALLAGR	5T4 [188,207]	30	2759	LEMRIKLWEEIKSAKYSEAW	FSIP1 [144,163]
11	1367	TPTAKAWKYMEEEILGFGKS	ACRBP [340,359]	30	2760	NNYPSLTPQAFEFVGEFFTD	Glypican-3 [132,151]
11	1368	WEGSNRNFSVWLGASVVAHL	ACTL8 [328,347]	30	2761	PDDWDNRTSYLHSPFSTGRS	JARID1B [1316,1335]
11	1369	VLIAIMVKVNFQRKKWRTED	ADAM2 [701,720]	30	2762	ISELKFQLKSNVIPIGHVKK	KU-CT-1 [773,792]
11	1370	ERNDSKLLEDLYVIVNIVDS	ADAM29 [215,234]	30	2763	ERTQSTFEGFAQSPLQIPVS	MAGE-C1 [219,238]
11	1371	QITEEQLEAVIADFSGLLEK	AFP [562,581]	30	2764	LPSIPLGTMSTISPSKNEKE	MORC1 [529,548]
11	1372	IDGHMSGQMVEHLMNSVMKL	AKAP-3 [661,680]	30	2765	NASSRSHSIFTVKILQIEDS	MPHOSPH1 [346,365]
11	1373	QVASDMMVSLMKTLKVHSSG	AKAP-4 [339,358]	30	2766	FFKDPKRAMEAFNLVRESEQ	NLRP4 [314,333]
11	1374	KELASALKSALSGHLETVIL	ANXA2 [81,100]	30	2767	VIEVHNKASLTPLLLSITKR	NY-BR-1 [108,127]
11	1375	ELEHLQTVKNISPLQILPPS	BRDT [743,762]	30	2768	APMEDKLNQAHLEVQQLKAS	ODF2 [516,535]
11	1376	AQLEENAKYSSVYMEAEATA	CABYR [366,385]	30	2769	LELMMDHLQKQPNTLRHVVI	PASD1 [402,421]
11	1377	SGEMLKFTEKSLAKSIAKES	CAGE1 [197,216]	30	2770	PAQTVHYRPINLSSSENKIV	PEPP2 [360,379]
11	1378	GTIFDNFLITDDEEYADNFG	CALR3 [310,329]	30	2771	FRLTSRPQWALYQYHIDYNP	PIWIL1 [119,138]
11	1379	NFNVENSQELIQMYDSKMEE	CCDC62 [300,319]	30	2772	LVSMFRGLGIETVSKTPLKR	PIWIL2 [71,90]
11	1380	NYKEKMKDTVQKLKNARQEV	CDCA1 [253,272]	30	2773	LLNAMPLHSWLILYSRSSHR	PIWIL3 [501,520]
11	1381	TERERMENIDSTILSPKQIK	CT46 [228,247]	30	2774	EKQLIGLIVLTRYNNRTYSI	PIWIL4 [294,313]
11	1382	HSEQNELMADISKRIQSLED	CTAGE2 [129,148]	30	2775	KYAGESFPGIYDALFDIESK	PSMA [699,718]
11	1383	EELERTIHSYQGQIISHEKK	cTAGE5 [440,459]	30	2776	INDDIKYQLMKEVRRFGQNY	SAGE1 [823,842]
11	1384	EESEKYILTLQTVHFTSEAV	CTCFL [73,92]	30	2777	HVDLIRLLRLEGELTKVRMA	SART3 [115,134]
11	1385	SLEERLESIISGAALMADSS	CTNNA2 [302,321]	30	2778	GSTLKFGAIRKMREDRWAVI	SCP-1 [940,959]
11	1386	SIYFSSDVVTGNVPLKVGQK	CXorf48 [56,75]	30	2779	GATVAEARVYRDARGRASSE	SOX-6 [599,618]

[0511]

11	1387	ALIVFWKYRRFQRNTGEMSS	CXorf61 [14,33]	30	2780	GLQLANDSVNRLSRILMELD	SPAG1 [553,572]
11	1388	NPATAVSGTPAPPARSQADK	DBPC [68,87]	30	2781	ILENTQLLETKNALNIVKND	SPAG9 [414,433]
11	1389	ETWRNYFSDIDFFPNAVYTH	DCAF12 [405,424]	30	2782	EYQNGDGFGYLLSFRRQGST	TAG-1 [737,756]
11	1390	EVLISENVVASIQPAEGSFE	DKKL1 [116,135]	30	2783	SIKIVDILEEEVVTFAVEVE	TDRD1 [409,428]
11	1391	PQYSMALAADSASGEVGNPL	DMRT1 [229,248]	30	2784	SSTAQENLALETSSPIEEDF	TEX14 [1093,1112]
11	1392	HKAREKPYDSKSLRTALQKE	EpCAM [150,169]	30	2785	SYGENIVELSSSDSSLLLKD	TEX15 [1421,1440]
11	1393	MAAGYTAIEKVVQMTNDDIK	EPHA2 [926,945]	30	2786	VFDGLPLYDDVKVQFFYSNL	TPTE [466,485]

[0512] 表25B热点序列和对应的TAA

循环	SEQ ID NO	序列	源抗原 [抗原中的氨基酸位点]	循环	SEQ ID NO	序列	源抗原 [抗原中的氨基酸位点]
28	5432	SVYADQVNIDYLMNRPQNLR	AKAP4 [157,176]	11	5682	SQVAGRLIIRAEELAQMWKV	Ropporin-1A [77-96]
24	5433	FTSSRMSSFNRHMKTHTSEK	CTCFL [264,283]	11	5683	YPEEIVRYYSPGYSDTLLQR	SPAG6 [481-500]
31	5434	KQQVFIDVINKLKENVEELI	CAGE1 [346,365]	11	5684	ESTEGSRSRSRSLDIQPSSE	SPAG8 [5-24]
10	5435	KKIEVYLRLHRHAYPEQRQD	DPPA2 [114,133]	11	5685	KSLPNENFQSLYNKELPVHI	TDRD4 [903-922]
15	5436	GSKLGRRAKPEGALQNNDGL	EpCAM [75,94]	11	5686	FQQQQHQILATPLQNLQVLA	TTK [491-510]
31	5437	SDTKDYFMSKTLGIGRLKRP	FSIP1 [516,535]	11	5687	ASAAARGFPLRTLNDWFSSM	WBP2NL [133-152]
16	5438	KLHNINRPLTMKKEGIQTRN	GATA-3 [347,366]	11	5688	RTYLSQKSLQAHIKRRHKRA	ZNF645 [122-141]
20	5439	SVMDLVGSILKNLRRVHPVS	LDHC [255,274]	12	5689	KWVGESERQLRLLFDQAYQM	ATAD2 [504-523]
22	5440	QEESFSPTAMDAIFGSLSDE	MAGE-A11 [176,195]	12	5690	KVFTHQGKVALYGKLVQSAQ	CASC5 [2009-2028]
14	5441	EDSVFAHPRKLLMQDLVQEN	MAGE-A2 [235,254]	12	5691	KQHREEDEVDSVLLSASKIL	CCDC110 [5-24]
18	5442	REALDEKVAELVRFLLRKYQ	MAGE-A8 [109,128]	12	5692	ATYLWWVNNQSLPVSPRLQL	CEA [174-193]
31	5443	LQRPVSSFFSYTLASLLQSS	MAGE-C1 [775,794]	12	5693	LLKQQEEQTRVALLEQQMQA	CEP55 [339-358]
31	5444	ESLVEKTPDEAASLVEGTSD	NY-BR-1 [262,281]	12	5694	SDLDFPTQVIPLKTLNAVAS	EZH2 [87-106]
28	5445	DWNLYWRTSSFRMTEHNSVK	NYD-TSPG [120,139]	12	5695	SYGERHLDDLSLKILREDKK	HORMAD2 [57-76]
3	5446	SARVRSRSRGRGDGQEAPDV	PAGE4 [2,21]	12	5696	LRDAVVIEQSSSLNEASSGL	hTERT [786-805]
31	5447	YLTGLTDKMRNDFNVMKDLA	PIWIL1 [388,407]	12	5697	PPMQLGFPSLHSFIKEHSLQ	KIF20A [511-530]
31	5448	ENPAMQEKKRSSIWQFFSRL	SPAG9 [540,559]	12	5698	SLQARLFPGLAIKIQRSNGL	MCAK [6-25]
32	5449	NEQDLVREEAQKMSSLLPTM	SPAG9 [953,972]	12	5699	TRFFSRITKANVDLLPRGAP	MSLN [138-157]
18	5450	GFSYEQDPTLRDPEAVARRW	TSP50 [105,124]	12	5700	MWKVVNLPTDLFNSVMNVGR	Ropporin-1A [93-112]
1	5451	RQLRLLFDQAYQMRPSIIFF	ATAD2 [511-530]	12	5701	AVTNTLPVLLSLYMSTESSE	SPAG6 [375-394]
1	5452	GVVFLALSAQLLQARLMKEE	BAGE-3 [4-23]	12	5702	YWPLRGKREAMLEMLLQHQI	SPAG8 [342-361]
1	5453	RLLFSSSAAFAKFEITLFLS	CASC5 [2266-2285]	12	5703	KFEDGIWYRAKVIGLPGHQE	TDRD4 [736-755]
1	5454	QQLESFQALRMQTLQNVSMV	CCDC110 [61-80]	12	5704	EDLSGRELTIDSIMNKVRDI	TTK [4-23]
1	5455	AQNTTYLWWVNGQSLPVSPR	CEA [527-546]	12	5705	NEGPPAGYRASPAGSGARPQ	WBP2NL [266-285]
1	5456	KKRSEELLSQVQFLYTSLLK	CEP55 [322-341]	12	5706	RDHLSYIPPEQHTMVSLPSV	ZNF645 [174-193]
1	5457	HPLLGVSATLNSVLNSNAIK	DKK1 [24-43]	13	5707	VLRMTRARRSQVEQQQLITV	ATAD2 [1293-1312]
1	5458	TGEELFFDYRYSQADALKYV	EZH2 [718-737]	13	5708	TIREFFILLQVHILIQKPRQ	CASC5 [1895-1914]
1	5459	MSWRGRSTYRPRPRRYVEPP	GAGE-2 [1-20]	13	5709	AKIQYLQNYLKESVQIQKKV	CCDC110 [426-445]
1	5460	EKRYLRMAVLTLYTDPMGSE	HORMAD2 [95-114]	13	5710	TPIISPPDSSYLSGANLNLS	CEA [595-614]
1	5461	AERNRVATMPVRLLRDSPAA	HSPB9 [24-43]	13	5711	KLDRQHVQHQLHVILKELRK	CEP55 [367-386]
1	5462	SFFYVTETTFQKNRLFFYRK	hTERT [559-578]	13	5712	KVMMVNGDHRIGIFAKRAIQ	EZH2 [698-717]
1	5463	ANIRFSIWISFFEIYNELLY	KIF20A [295-314]	13	5713	GFHSMKVKVMTEATKVIDLE	HORMAD2 [226-245]
1	5464	KAQNASKGIYAMASRDVFLL	MCAK [365-384]	13	5714	DTDPRRLVQLLRQHSSPWQV	hTERT [442-461]
1	5465	SQQNVSMDLATFMKLRTDAV	MSLN [520-539]	13	5715	VGQASFFNLTVKEMVKDVLK	KIF20A [131-150]
1	5466	DEERELEKLFQLGPPSPVKM	PTTG-1 [150-169]	13	5716	FQIILRAKGRMHGKFSLVDL	MCAK [474-493]
1	5467	STFQFLYTYIAKVDGEISAS	Ropporin-1A [159-178]	13	5717	DVLYPKARLAFQNMNGSEYF	MSLN [482-501]
1	5468	QNIETLQNAGVMSLLRTLLL	SPAG6 [32-51]	13	5718	EDFDPGVKEAAAWALRYIAR	SPAG6 [135-154]
1	5469	FRHGHRGLLTMQLKSPMPSS	SPAG8 [309-328]	13	5719	ATAVNTRQRYYPMAGYIKED	TDRD4 [77-96]
1	5470	KMKSLEKISYVYMKRKYEAM	SSX-7 [39-58]	13	5720	VSDEKSSELIITDSITLKNK	TTK [340-359]
1	5471	GERVDVSKYLIKKGLALRER	TDRD4 [1087-1106]	13	5721	PQRSEGSNVFSGRKTGTLFL	WBP2NL [34-53]
1	5472	KKFAFVHISFAQFELSQGNV	TTK [140-159]	13	5722	IKRRHKRARKQVTSASLEKV	ZNF645 [134-153]
1	5473	PKPEEKRFLLEEPMPFFYLK	URLC10 [95-114]	14	5723	ASLADVDPMQLDSSVRFDSV	ATAD2 [409-428]
1	5474	RTLNDWFSSMGIYVITGEGN	WBP2NL [143-162]	14	5724	EITGMNTLLSAPIHTQMQQK	CASC5 [131-150]
1	5475	IPPEQHTMVSLPSVQHMLQE	ZNF645 [180-199]	14	5725	KDKERQPFLVKQGSIISENE	CCDC110 [393-412]
2	5476	SRQDQIHSSIVSTLLALMDG	ATAD2 [542-561]	14	5726	ERVDGNRQIIGYVIGTQQAT	CEA [71-90]
2	5477	TALDVHFVSTLEPLSNAVKR	BAGE-3 [37-56]	14	5727	EKVAASPKSPTAALNESLVE	CEP55 [420-439]
2	5478	WEQSLFSTTKPLFSSGQFSM	CASC5 [717-736]	14	5728	EWSGAEASMFRVLIGTYYDN	EZH2 [431-450]
2	5479	LKFHSRVPRYTLSFLDQTKH	CCDC110 [371-390]	14	5729	VKVMTEATKVIDLENNLFRE	HORMAD2 [232-251]
2	5480	AQYSWFVNGTFQQSTQELFI	CEA [267-286]	14	5730	EHRLREEILAKFLHWLMSVY	hTERT [533-552]
2	5481	LTDKERHRLLEKIRVLEAEK	CEP55 [51-70]	14	5731	ERGIGQATHRFTFSQIFGPE	KIF20A [111-130]
2	5482	STLDGYSRRTTLSSKMYHTK	DKK1 [163-182]	14	5732	EYTLNTLRYADRVKELSPHS	MCAK [573-592]
2	5483	PRKFPSDKIFEAISSMFPDK	EZH2 [215-234]	14	5733	EDIRKWNVTSLETLKALLEV	MSLN [382-401]
2	5484	KEPINVQVGFVSTGFHSMKV	HORMAD2 [213-232]	14	5734	AWALRYIARHNAELSQAVVD	SPAG6 [146-165]
2	5485	EELVVQVDGQWLMVTGQQQL	HSPB9 [66-85]	14	5735	LERSASTDKTLLNSSAVMLD	TDRD4 [125-144]
2	5486	QQVWKNPTFFLRVISDTASL	hTERT [1023-1042]	14	5736	ELRNLKSVQNSHFKEPLVSD	TTK [323-342]
2	5487	DSMEKVKVYLRVRPLLPSEL	KIF20A [60-79]	14	5737	ESTAAQAPENEASLPSASSS	WBP2NL [286-305]
2	5488	ETASNEVVYRFTARPLVQTI	MCAK [317-336]	14	5738	PIQWETVSIFTRKHGNLTVD	ZNF645 [222-241]
2	5489	DLPGRFVAESAEVLLPRLVS	MSLN [191-210]	15	5739	YQMRPSIIFFDEIDGLAPVR	ATAD2 [521-540]
2	5490	ESNLLQSPSSILSTLDVELP	PTTG-1 [175-194]	15	5740	KNDMDITKSYTIEINHRPLL	CASC5 [895-914]
2	5491	IRVQPQDLIQWAADYFEALS	Ropporin-1A [26-45]	15	5741	RPLASDLKGYFKVKDRTLKH	CCDC110 [813-832]
2	5492	VKEAAAWALRYIARHNAELS	SPAG6 [141-160]	15	5742	GIQNELSVDHSDPVILNVLY	CEA [394-413]
2	5493	MQDGSESFFFRHGHRGLLTM	SPAG8 [300-319]	15	5743	KSETTLEKLKGEIAHLKTSV	CEP55 [22-41]
2	5494	RLQRIFPKIMPKKPAEEGND	SSX-7 [103-122]	15	5744	VEDETVLHNIPYMGDEVLDQ	EZH2 [122-141]
2	5495	LNAAMNIARALQLSPSLRTY	TDRD4 [237-256]	15	5745	ITYLRGLFPESSYGERHLDD	HORMAD2 [46-65]

[0513]

[0514]

2	5496	LYYMTYGKTPFQQIINQISK	TTK [724-743]	15	5746	REKRAERLTSRVKALFSVLN	hTERT [647-666]
2	5497	LVVALPRVWTDANLTARQRD	URLC10 [8-27]	15	5747	KLNILKESLTSFYQEEIQER	KIF20A [625-644]
2	5498	KLVFRNGDAIEFAQLMVKAA	WBP2NL [114-133]	15	5748	ESALAQQAKHFSALRDVIKA	MCAK [684-703]
2	5499	ELSLSLPFPIQWETVSIFTR	ZNF645 [214-233]	15	5749	EDLKALSQQNVSMDLATFMK	MSLN [514-533]
3	5500	KKSQNYNIFQLENLYAVISQ	ATAD2 [1342-1361]	15	5750	PPNILKHVVGQFSKVLPHDS	SPAG6 [425-444]
3	5501	FVQNTLTKLLKDRRKMQTVQ	BAGE-3 [82-101]	15	5751	KLAYIEPYKRTMQWSKEAKE	TDRD4 [792-811]
3	5502	EHTTGQLTTMNRQIAVKVEK	CASC5 [814-833]	15	5752	SGTVNQIMMMANNPEDWLSL	TTK [49-68]
3	5503	SIEMEAMKTNILLIQDEKEM	CCDC110 [568-587]	16	5753	KEERTKFFEDLILKQAAKPP	ATAD2 [926-945]
3	5504	AYSGREIIYPNASLLIQNII	CEA [94-113]	16	5754	QAPPSSLLVHKLIFQYVEEK	CASC5 [2190-2209]
3	5505	LRDQLKARYSTTTLLEQLEE	CEP55 [87-106]	16	5755	NLKSKMKPLIFTTQSLIQKV	CCDC110 [454-473]
3	5506	LNSVLNSNAIKNLPPPLGGA	DKK1 [33-52]	16	5756	FVSNLATGRNNSIVKSITVS	CEA [656-675]
3	5507	KTLNAVASVPIMYSWSPLQQ	EZH2 [99-118]	16	5757	RDQLKARYSTTTLLEQLEET	CEP55 [88-107]
3	5508	LIRKLYILMQDLEPLPNNVV	HORMAD2 [160-179]	16	5758	SFLFNLNNDFVVDATRKGNK	EZH2 [664-683]
3	5509	RVSYRMSQKVHRKMLPSNLS	HSPB9 [92-111]	16	5759	VTEMYQFKFKYTKEGATMDF	HORMAD2 [116-135]
3	5510	RVKALFSVLNYERARRPGLL	hTERT [657-676]	16	5760	FQKNRLFFYRKSVWSKLQSI	hTERT [568-587]
3	5511	STYDETLHVAKFSAIASQLV	KIF20A [489-508]	16	5761	KQIRQEEMKKLSLLNGGLQE	KIF20A [215-234]
3	5512	ILRAKGRMHGKFSLVDLAGN	MCAK [477-496]	16	5762	RAKGRMHGKFSLVDLAGNER	MCAK [479-498]
3	5513	LAFQNMNGSEYFVKIQSFLG	MSLN [490-509]	16	5763	TVAEVQKLLGPHVEGLKAEE	MSLN [543-562]
3	5514	DAYPEIEKFFPFNPLDFESF	PTTG-1 [109-128]	16	5764	LNPDAKLKHQILSALSQVSK	SPAG6 [219-238]
3	5515	GEISASHVSRMLNYMEQEVI	Ropporin-1A [173-192]	16	5765	SDILELGARIFVSSIKNGMW	TDRD4 [461-480]
3	5516	SLAEQNRFYKKAAAFVLRAV	SPAG6 [91-110]	16	5766	TYGKTPFQQIINQISKLHAI	TTK [728-747]
3	5517	IPPGFRNLVADRVPNYTSWS	SPAG8 [213-232]	17	5767	LHNHSAASATGSLDLSSDFL	ATAD2 [10-29]
3	5518	KHAWTHRLRERKQLVIYEEI	SSX-7 [161-180]	17	5768	SFADTIKVFQTESHMKIVRK	CASC5 [60-79]
3	5519	NPWEKLSIHLYFDGMSLSYF	TDRD4 [1330-1349]	17	5769	TLEFEMRHLQREYLSLSDKI	CCDC110 [759-778]
3	5520	NQTLDSYRNEIAYLNKLQQH	TTK [562-581]	17	5770	QHTQELFISNITEKNSGLYT	CEA [457-476]
3	5521	KAASAAARGFPLRTLNDWFS	WBP2NL [131-150]	17	5771	IAELESKTNTLRLSQTVAPN	CEP55 [139-158]
3	5522	QDVVTPNSVRSQVPALTTTY	ZNF645 [301-320]	17	5772	VYEFRVKESSIIAPAPAEDV	EZH2 [466-485]
4	5523	VEKALAILSQPTPSLVVDHE	ATAD2 [1312-1331]	17	5773	RTLEVQSDYSSYARTSIRAS	hTERT [938-957]
4	5524	AQLLQARLMKEESPVVSWRL	BAGE-3 [12-31]	17	5774	QATHRFTFSQIFGPEVGQAS	KIF20A [116-135]
4	5525	PVQNDLAYANDFASEYYLES	CASC5 [1360-1379]	17	5775	QPDYDLETFVNKAESALAQQ	MCAK [671-690]
4	5526	NSDILKNYNNFYRFLPTAPP	CCDC110 [190-209]	17	5776	GVLANPPNISSLSPRQLLGF	MSLN [50-69]
4	5527	TQDATYLWWVNNQSLPVSPR	CEA [171-190]	17	5777	VAELATRPQNIETLQNAGVM	SPAG6 [24-43]
4	5528	LESLKQLHEFAITEPLVTFQ	CEP55 [394-413]	17	5778	QLIEGLDILFLLKTIEEFYK	TDRD4 [696-715]
4	5529	SFGNDHSTLDGYSRRTTLSS	DKK1 [157-176]	17	5779	DPKQRISIPELLAHPYVQIQ	TTK [775-794]
4	5530	FRRADEVKSMFSSNRQKILE	EZH2 [32-51]	18	5780	RRSQVEQQQLITVEKALAIL	ATAD2 [1300-1319]
4	5531	KEGVNSHFLLFDKEPINVQV	HORMAD2 [201-220]	18	5781	YSQDLGEMTKLNSKRVSFKL	CASC5 [1432-1451]
4	5532	EDNDHARDGFQMKLDAHGFA	HSPB9 [45-64]	18	5782	NENNRMSIEMEAMKTNILLI	CCDC110 [562-581]
4	5533	EAFTTSVRSYLPNTVTDALR	hTERT [113-132]	18	5783	NGNRTLTLFNVTRNDARAYV	CEA [551-570]
4	5534	FPSLHSFIKEHSLQVSPSLE	KIF20A [517-536]	18	5784	RHRLLEKIRVLEAEKEKNAY	CEP55 [56-75]
4	5535	MAMDSSLQARLFPGLAIKIQ	MCAK [1-20]	18	5785	NAVASVPIMYSWSPLQQNFM	EZH2 [102-121]
4	5536	ATQMDRVNAIPFTYEQLDVL	MSLN [333-352]	18	5786	RAVRSLLRSHYREVLPLATF	hTERT [8-27]
4	5537	QIAHLPLSGVPLMILDEERE	PTTG-1 [135-154]	18	5787	KDVLKGQNWLIYTYGVTNSG	KIF20A [146-165]
4	5538	IRAEELAQMWKVVNLPTDLF	Ropporin-1A [85-104]	18	5788	QEHLVNSADDVIKMIDMGSA	MCAK [435-454]
4	5539	DILPQLVYSLAEQNRFYKKA	SPAG6 [83-102]	18	5789	QNVSMDLATFMKLRTDAVLP	MSLN [522-541]
4	5540	DYRQEQPETFWIQRAPQLPV	SPAG8 [403-422]	18	5790	VVGQFSKVLPHDSKARRLFV	SPAG6 [432-451]
4	5541	ISYVYMKRKYEAMTKLGFKA	SSX-7 [46-65]	18	5791	SVIKILEDNVLLVELFDSLG	TDRD4 [825-844]
4	5542	WEEEAKVEFLKMVNNKAVSM	TDRD4 [590-609]	18	5792	SVVKDSQVGTVNYMPPEAIK	TTK [677-696]
4	5543	PYVQIQTHPVNQMAKGTTEE	TTK [789-808]	19	5793	QNIPSFAPVLLLATSDKPHS	ATAD2 [882-901]
4	5544	NGDAIEFAQLMVKAASAAAR	WBP2NL [119-138]	19	5794	VQEIAEKQALAVGNKIVLHT	CASC5 [1234-1253]
4	5545	EYNKEGKYYSKGVKLVRKKK	ZNF645 [12-31]	19	5795	LPTAPPNVMSQADTVILDKS	CCDC110 [204-223]
5	5546	GSSVKEVETYHRTRALRSLR	ATAD2 [59-78]	19	5796	SWRINGIPQQHTQVLFIAKI	CEA [626-645]
5	5547	EPEDGTALDVHFVSTLEPLS	BAGE-3 [32-51]	19	5797	LKDALEKNQQWLVYDQQREV	CEP55 [174-193]
5	5548	EWSDDQAVFTFVYDTIQLTI	CASC5 [2139-2158]	19	5798	FVVDATRKGNKIRFANHSVN	EZH2 [673-692]
5	5549	NPQFSSEKNLVFGTRIEKDL	CCDC110 [97-116]	19	5799	IPQDRLTEVIASIIKPQNTY	hTERT [720-739]
5	5550	DDPTISPSYTYYRPGVNLSL	CEA [416-435]	19	5800	QDQTLAELQNNMVLVKLDLR	KIF20A [785-804]
5	5551	QQWLVYDQQREVYVKGLLAK	CEP55 [182-201]	19	5801	IKIQRSNGLIHSANVRTVNL	MCAK [17-36]
5	5552	GFINDEIFVELVNALGQYND	EZH2 [164-183]	19	5802	PIIRSIPQGIVAAWRQRSSR	MSLN [258-277]
5	5553	EKVTEMYQFKFKYTKEGATM	HORMAD2 [114-133]	19	5803	MSQRQVLQVFEQYQKARTQF	SPAG6 [1-20]
5	5554	ERNRVATMPVRLLRDSPAAQ	HSPB9 [25-44]	19	5804	SLPSPGELYAVQVKHVVSPN	TDRD4 [1406-1425]
5	5555	TLTDLQPYMRQFVAHLQETS	hTERT [765-784]	19	5805	AKGTTEEMKYVLGQLVGLNS	TTK [802-821]
5	5556	IAEQYHTVLKLQGQVSAKKR	KIF20A [810-829]	20	5806	VRFDSVGGLSNHIAALKEMV	ATAD2 [423-442]
5	5557	EVYVTFFEIYNGKLFDLLNK	MCAK [396-415]	20	5807	FPFLDKRYRKIVDVNFQSLL	CASC5 [2167-2186]
5	5558	YPESVIQHLGYLFLKMSPED	MSLN [364-383]	20	5808	TAEENFLQEIKNAKSEASIY	CCDC110 [671-690]
5	5559	GLKLGSGPSIKALDGRSQVS	PTTG-1 [23-42]	20	5809	VNEEATGQFRVYPELPKPSI	CEA [130-149]
5	5560	LHSQVAGRLIIRAEELAQMW	Ropporin-1A [75-94]	20	5810	IFELEKKTETAAHSLPQQTK	CEP55 [202-221]
5	5561	AHSENLAMAVIISKGVPQLS	SPAG6 [322-341]	20	5811	YMRLRQLKRFRRADEVKSMF	EZH2 [23-42]
5	5562	SSDDSPRSALAAATAAAAAA	SPAG8 [35-54]	20	5812	YVVELLRSFFYVTETTFQKN	hTERT [552-571]
5	5563	PEKIQKSFDDIAKYFSKKEW	SSX-7 [18-37]	20	5813	MSQGILSPPAGLLSDDDVVV	KIF20A [1-20]
5	5564	VVEKQFDQLLAFFDSRKKNL	TDRD4 [189-208]	20	5814	LLLVHEPKLKVDLTKYLENQ	MCAK [288-307]
5	5565	WERKSYWKNMLEAVHTIHQH	TTK [622-641]	20	5815	SRDPSWRQPERTILRPRFRR	MSLN [276-295]
5	5566	SNVFSGRKTGTLFLTSYRVI	WBP2NL [40-59]	20	5816	SKHSVDLAEMVVEAEIFPVV	SPAG6 [237-256]
5	5567	KRTYLSQKSLQAHIKRRHKR	ZNF645 [121-140]	20	5817	SILVQFVDYGSTAKLTLNRL	TDRD4 [1510-1529]
6	5568	PASPARPRYRLSSAGPRSPY	ATAD2 [325-344]	20	5818	VERGAVPLEMLEIALRNLNL	TTK [170-189]
6	5569	LQARLMKEESPVVSWRLEPE	BAGE-3 [15-34]	21	5819	RKIRKKSNWYLGTIKKRRKI	ATAD2 [1164-1183]
6	5570	NQDARILAMTPESIYSNPSI	CASC5 [429-448]	21	5820	AGKLNLSPSQYINEENLPVY	CASC5 [1726-1745]
6	5571	LEALVKKLLPFRETVSKFHV	CCDC110 [315-334]	21	5821	ELKKHSQENIKFENSISRLT	CCDC110 [721-740]

[0515]

6	5572	SASGHSRTTVKTITVSAELP	CEA [482-501]	21	5822	QQSTQELFIPNITVNNSGSY	CEA [278-297]
6	5573	EEKDVLKQQLSAATSRIAEL	CEP55 [123-142]	21	5823	LKELRKARNQITQLESLKQL	CEP55 [381-400]
6	5574	LQQNFMVEDETVLHNIPYMG	EZH2 [116-135]	21	5824	FLFNLNNDFVVDATRKGNKI	EZH2 [665-684]
6	5575	QDLEPLPNNVVLTMKLHYYN	HORMAD2 [169-188]	21	5825	LWGSRHNERRFLRNTKKFIS	hTERT [477-496]
6	5576	VVQVDGQWLMVTGQQQLDVR	HSPB9 [69-88]	21	5826	LNGGLQEEELSTSLKRSVYI	KIF20A [228-247]
6	5577	LGLDDIHRAWRTFVLRVRAQ	hTERT [681-700]	21	5827	SLRSRSTRMSTVSELRITAQ	MCAK [106-125]
6	5578	ILIKQDQTLAELQNNMVLVK	KIF20A [781-800]	21	5828	SGKKAREIDESLIFYKKWEL	MSLN [304-323]
6	5579	FVNKAESALAQQAKHFSALR	MCAK [679-698]	21	5829	ALALGRLANYNDDLAEAVVK	SPAG6 [62-81]
6	5580	LSTERVRELAVALAQKNVKL	MSLN [77-96]	21	5830	SLYLTGAVATIILQVDSEEN	TDRD4 [1051-1070]
6	5581	NLLQSPSSILSTLDVELPPV	PTTG-1 [177-196]	21	5831	SEEEKKNLSASTVLTAQESF	TTK [196-215]
6	5582	NRAELTPELLKILHSQVAGR	Ropporin-1A [63-82]	22	5832	EIVVIGATNRLDSIDPALRR	ATAD2 [567-586]
6	5583	LQVFEQYQKARTQFVQMVAE	SPAG6 [7-26]	22	5833	ADGTSLDFSTYRSSQMESQF	CASC5 [1856-1875]
6	5584	PQKQPPWEFLQVLEPGARGL	SPAG8 [239-258]	22	5834	STDNLSSNIIIHPSENSDIL	CCDC110 [175-194]
6	5585	THRLRERKQLVIYEEISDPE	SSX-7 [165-184]	22	5835	PNASLLIQNIIQNDTGFYTL	CEA [103-122]
6	5586	VPKLSEFELIKMTNEIQSNL	TDRD4 [1199-1218]	22	5836	GETENREKVAASPKSPTAAL	CEP55 [414-433]
6	5587	GQNESFARIQVRFAELKAIQ	TTK [104-123]	22	5837	MFSSNRQKILERTEILNQEW	EZH2 [41-60]
6	5588	GWEGQATFKLVFRNGDAIEF	WBP2NL [106-125]	22	5838	RNTKKFISLGKHAKLSLQEL	hTERT [489-508]
6	5589	SLSLPFPIQWETVSIFTRKH	ZNF645 [216-235]	22	5839	SPMFESTAADLGSVVRKNLL	KIF20A [21-40]
7	5590	REDKVIPVTRSLRARNIVQS	ATAD2 [122-141]	22	5840	EEQVHSIRGSSSANPVNSVR	MCAK [170-189]
7	5591	TPEDLMLSQYVYRPKIQIYR	CASC5 [1928-1947]	22	5841	GLKAEERHRPVRDWILRQRQ	MSLN [557-576]
7	5592	FHSRVPRYTLSFLDQTKHEM	CCDC110 [373-392]	22	5842	QEIKAEPGSLLQEYINSINS	SPAG6 [460-479]
7	5593	IIQNDTGFYTLHVIKSDLVN	CEA [112-131]	22	5843	HFYIRKYSQIKDAKVLEKKV	TDRD4 [429-448]
7	5594	VERQTITQLSFELSEFRRKY	CEP55 [250-269]	22	5844	LNKLQQHSDKIIRLYDYEIT	TTK [575-594]
7	5595	WRKRVKSEYMRLRQLKRFRR	EZH2 [15-34]	23	5845	KEMVVFPLLYPEVFEKFKIQ	ATAD2 [439-458]
7	5596	DYQPLGFKEGVNSHFLLFDK	HORMAD2 [194-213]	23	5846	EENMDITKSHTVAIDNQIFK	CASC5 [507-526]
7	5597	QQQLDVRDPERVSYRMSQKV	HSPB9 [82-101]	23	5847	NSISRLTEDKILLENYVRSI	CCDC110 [734-753]
7	5598	DYSSYARTSIRASLTFNRGF	hTERT [945-964]	23	5848	EPEIQNTTYLWWVNNQSLPV	CEA [346-365]
7	5599	SPYARILRSRRSPLLKSGPF	KIF20A [867-886]	23	5849	IPYMGDEVLDQDGTFIEELI	EZH2 [131-150]
7	5600	PKESLRSRSTRMSTVSELRI	MCAK [103-122]	23	5850	HVRKAFKSHVSTLTDLQPYM	hTERT [754-773]
7	5601	DRVNAIPFTYEQLDVLKHKL	MSLN [337-356]	23	5851	DLKPLLSNEVIWLDSKQIRQ	KIF20A [200-219]
7	5602	PALPKATRKALGTVNRATEK	PTTG-1 [54-73]	23	5852	KAHTPFRESKLTQVLRDSFI	MCAK [534-553]
7	5603	SVMNVGRFTEEIEWLKFLAL	Ropporin-1A [106-125]	23	5853	RELAVALAQKNVKLSTEQLR	MSLN [83-102]
7	5604	PTIQQTAALALGRLANYNDD	SPAG6 [55-74]	23	5854	VRYYSPGYSDTLLQRVDSYQ	SPAG6 [486-505]
7	5605	GSESFFFRHGHRGLLTMQLK	SPAG8 [303-322]	23	5855	KFKSQSLRSHFEKNTTLHYH	TDRD4 [650-669]
7	5606	SGPKRGKHAWTHRLRERKQL	SSX-7 [155-174]	23	5856	NPEDWLSLLLKLEKNSVPLS	TTK [61-80]
7	5607	KIVAIKEFNPLSILVQFVDY	TDRD4 [1499-1518]	24	5857	ISAKDFEVAMQKMIPASQRA	ATAD2 [674-693]
7	5608	LSDALLNKLIGRYSQAIEAL	TTK [79-98]	24	5858	LLPNEIAIRPMDKTVLFTDN	CASC5 [1167-1186]
7	5609	ALIPNGESLLKRSPNVELSF	WBP2NL [14-33]	24	5859	DEVDSVLLSASKILNSSEGV	CCDC110 [11-30]
7	5610	DIQAPPPELSLSLPFPIQWE	ZNF645 [207-226]	24	5860	EPETQDATYLWWVNNQSLPV	CEA [168-187]
8	5611	KRYYLRQRKATVYYQAPLEK	ATAD2 [292-311]	24	5861	RQVYEFRVKESSIIAPAPAE	EZH2 [464-483]
8	5612	PHVSKERIQQSLSNPLSISL	CASC5 [566-585]	24	5862	DGLRPIVNMDYVVGARTFRR	hTERT [628-647]
8	5613	LKEFKKIISKYNVLQGQNKT	CCDC110 [505-524]	24	5863	DISMYGKEELLQVVEAMKTL	KIF20A [554-573]
8	5614	PRLQLSNDNRTLTLLSVTRN	CEA [367-386]	24	5864	DDVAAINPELLQLLPLHPKD	MCAK [59-78]
8	5615	HQLHVILKELRKARNQITQL	CEP55 [375-394]	24	5865	LDQDQQEAARAALQGGGPPY	MSLN [215-234]
8	5616	GPNAKSVQREQSLHSFHTLF	EZH2 [266-285]	24	5866	REIAKHTPELSQLVVNAGGV	SPAG6 [276-295]
8	5617	STGFHSMKVKVMTEATKVID	HORMAD2 [224-243]	24	5867	NVWQPDAIEVLQQLLSKRQV	TDRD4 [1301-1320]
8	5618	YRMSQKVHRKMLPSNLSPTA	HSPB9 [95-114]	24	5868	NESFARIQVRFAELKAIQEP	TTK [106-125]
8	5619	RLPRLPQRYWQMRPLFLELL	hTERT [378-397]	25	5869	LSLEHIGRRRLRSAGAAQKK	ATAD2 [29-48]
8	5620	DGGILPRSLALIFNSLQGQL	KIF20A [176-195]	25	5870	NLNNLNGKTGEFLAFQTVHL	CASC5 [1586-1605]
8	5621	DSSFPNWEFARMIKEFRATL	MCAK [224-243]	25	5871	EKNIQLSLEKQQMMEALDQL	CCDC110 [527-546]
8	5622	LLATQMDRVNAIPFTYEQLD	MSLN [331-350]	25	5872	RNNSIVKSITVSASGTSPGL	CEA [664-683]
8	5623	KMTEKTVKAKSSVPASDDAY	PTTG-1 [92-111]	25	5873	QRGSKKHLLLAPSDVAGWGI	EZH2 [607-626]
8	5624	KMLKEFAKAAIRVQPQDLIQ	Ropporin-1A [16-35]	25	5874	TYVPLLGSLRTAQTQLSRKL	hTERT [1088-1107]
8	5625	IQEPEIALKRIAASALSDIA	SPAG6 [176-195]	25	5875	QNLVPFRDSKLTRVFQGFFT	KIF20A [454-473]
8	5626	RKLFEVESVTHHDYRMELAQ	SPAG8 [373-392]	25	5876	KREEKKAQNSEMRMKRAQEY	MCAK [204-223]
8	5627	MNGDDAFARRPRAGAQIPEK	SSX-7 [1-20]	25	5877	PQAPRRPLPQVATLIDRFVK	MSLN [409-428]
8	5628	RRGQIIRMVTDTLVEVLLYD	TDRD4 [980-999]	25	5878	LSEEPEDHIKAAAAWALGQI	SPAG6 [344-363]
8	5629	KIIRLYDYEITDQYIYMVME	TTK [584-603]	25	5879	EEFARTTDDYLSNLIKAKSY	TDRD4 [210-229]
8	5630	HTENRRGALIPNGESLLKRS	WBP2NL [7-26]	25	5880	DSRGQTTKARFLYGENMPPQ	TTK [230-249]
8	5631	TTYDPSSGYIIVKVPPDMNS	ZNF645 [318-337]	26	5881	SEKLQLDLSSINISAKDFEV	ATAD2 [662-681]
9	5632	SSSKYAPSYYHVMPKQNSTL	ATAD2 [1114-1133]	26	5882	RNKKNSRRVSFADTIKVFQT	CASC5 [51-70]
9	5633	QLNNRDRRNVDFTSSHATAV	CASC5 [1302-1321]	26	5883	DLPTENQEENLSMEKSHHFE	CCDC110 [115-134]
9	5634	MSQADTVILDKSKITVPFLK	CCDC110 [212-231]	26	5884	TVYAEPPKPFITSNNSNPVE	CEA [317-336]
9	5635	QQHTQVLFIAKITPNNNGTY	CEA [634-653]	26	5885	VVDATRKGNKIRFANHSVNP	EZH2 [674-693]
9	5636	VYDQQREVYVKGLLAKIFEL	CEP55 [186-205]	26	5886	SLLRSHYREVLPLATFVRRL	hTERT [12-31]
9	5637	YQHLEGAKEFAAALTAERIK	EZH2 [325-344]	26	5887	QGTIKDGGILPRSLALIFNS	KIF20A [171-190]
9	5638	IKKASVLLIRKLYILMQDLE	HORMAD2 [153-172]	26	5888	IRALGQNKAHTPFRESKLTQ	MCAK [527-546]
9	5639	RSLLRSHYREVLPLATFVRR	hTERT [11-30]	26	5889	LFSLGWVQPSRTLAGETGQE	MSLN [25-44]
9	5640	LNQNSSRSHSIFSIRILHLQ	KIF20A [373-392]	26	5890	TNTLPVLLSLYMSTESSEDL	SPAG6 [377-396]
9	5641	AKHFSALRDVIKALRLAMQL	MCAK [691-710]	26	5891	ISPEKIYVQWLLTENLLNSL	TDRD4 [926-945]
9	5642	RQLDVLYPKARLAFQNMNGS	MSLN [479-498]	26	5892	ISVKGRIYSILKQIGSGGSS	TTK [518-537]
9	5643	SQVSTPRFGKTFDAPPALPK	PTTG-1 [39-58]	27	5893	KIDLHKYLTVKDYLRDIDLI	ATAD2 [1037-1056]
9	5644	PELLKILHSQVAGRLIIRAE	Ropporin-1A [69-88]	27	5894	QDLIKDPRNLLANQTLVYSQ	CASC5 [1415-1434]
9	5645	LKDKDEYVKKNASTLIREIA	SPAG6 [260-279]	27	5895	IKNAKSEASIYKNSLSEIGK	CCDC110 [680-699]
9	5646	FEVESVTHHDYRMELAQAGT	SPAG8 [376-395]	27	5896	ETQNPVSARRSDSVILNVLY	CEA [216-235]
9	5647	DIAKYFSKKEWEKMKSLEKI	SSX-7 [27-46]	27	5897	IFAKRAIQTGEELFFDYRYS	EZH2 [710-729]

[0516]

9	5648	RSHFEKNTTLHYHPPILPKE	TDRD4 [657-676]	27	5898	TDALRGSGAWGLLLRRVGDD	hTERT [128-147]
9	5649	IGSGGGSSKVFQVLNEKKQIY	TTK [531-550]	27	5899	PVPANIRFSIWISFFEIYNE	KIF20A [292-311]
9	5650	GGWEGQATFKLVFRNGDAIE	WBP2NL [105-124]	27	5900	ETGQEAAPLDGVLANPPNIS	MSLN [40-59]
9	5651	SASEFASHHYNLNILPQFTE	ZNF645 [351-370]	27	5901	YYSPGYSDTLLQRVDSYQPL	SPAG6 [488-507]
10	5652	QEEDTFRELRIFLRNVTHRL	ATAD2 [981-1000]	27	5902	YDDGLWYRAKIVAIKEFNPL	TDRD4 [1490-1509]
10	5653	RPMDKTVVFVDNHVELEMTE	CASC5 [963-982]	27	5903	QVLNEKKQIYAIKYVNLEEA	TTK [541-560]
10	5654	LQNVSMVQSEISEILNKSII	CCDC110 [74-93]	28	5904	SLDLSSDFLSLEHIGRRRLR	ATAD2 [21-40]
10	5655	PPAQYSWLIDGNIQQHTQEL	CEA [443-462]	28	5905	FQDLSINSADKIHITRSHIM	CASC5 [398-417]
10	5656	EVHNLNQLLYSQRRADVQHL	CEP55 [275-294]	28	5906	SKMKPLIFTTQSLIQKVETY	CCDC110 [457-476]
10	5657	EWKQRRIQPVHILTSVSSLR	EZH2 [59-78]	28	5907	TYLWWVNGQSLPVSPRLQLS	CEA [531-550]
10	5658	KRYLRMAVLTLYTDPMGSEK	HORMAD2 [96-115]	28	5908	YRYSQADALKYVGIEREMEI	EZH2 [726-745]
10	5659	GLLLDTRTLEVQSDYSSYAR	hTERT [932-951]	28	5909	SVWSKLQSIGIRQHLKRVQL	hTERT [579-598]
10	5660	TVKEMVKDVLKGQNWLIYTY	KIF20A [140-159]	28	5910	FRDSKLTRVFQGFFTGRGRS	KIF20A [459-478]
10	5661	EELSSQMSSFNEAMTQIREL	MCAK [625-644]	28	5911	VIQHLGYLFLKMSPEDIRKW	MSLN [368-387]
10	5662	QGGIPNGYLVLDLSMQEALS	MSLN [587-606]	28	5912	AVSMKVFREEDGVLIVDLQK	TDRD4 [606-625]
10	5663	AHLPLSGVPLMILDEERELE	PTTG-1 [137-156]	28	5913	LNKLIGRYSQAIEALPPDKY	TTK [84-103]
10	5664	GPDGIITVNDFTQNPRVQLE	Rapporin-1A [193-212]	29	5914	RIRSRYSGVNQSMLFDKLIT	ATAD2 [159-178]
10	5665	LPHDSKARRLFVTSGGLKKV	SPAG6 [440-459]	29	5915	EKLQDGRITIREFFILLQVH	CASC5 [1887-1906]
10	5666	SYQPPGNVYWPLRGKREAML	SPAG8 [334-353]	29	5916	IAESENQIQPQSALKVLQQQ	CCDC110 [43-62]
10	5667	SSDMPVSLRDALVFMELAKF	TDRD4 [632-651]	29	5917	NGIPQQHTQVLFIAKITPNN	CEA [630-649]
10	5668	KAVERGAVPLEMLEIALRNL	TTK [168-187]	29	5918	FSVLNYERARRPGLLGASVL	hTERT [662-681]
10	5669	WEGQATFKLVFRNGDAIEFA	WBP2NL [107-126]	29	5919	PRSLALIFNSLQGQLHPTPD	KIF20A [181-200]
10	5670	PQFTQTDAMDHRRWPAWKRL	ZNF645 [377-396]	29	5920	SLSPEELSSVPPSSIWAVRP	MSLN [451-470]
11	5671	AVLQKMDDMKKMRRQRMREL	ATAD2 [183-202]	29	5921	QDKNQWRRGQIIRMVTDTLV	TDRD4 [974-993]
11	5672	EKSTKIDTTSFLANLKLHTE	CASC5 [198-217]	29	5922	ITDSITLKNKTESSLLAKLE	TTK [350-369]
11	5673	LKNYNNFYRFLPTAPPNVMS	CCDC110 [194-213]	30	5923	IYKDRMKIGASLADVDPMQL	ATAD2 [400-419]
11	5674	NGNRTLTLFNVTRNDTASYK	CEA [195-214]	30	5924	RLLGEEIEYLKRWGPNYNLM	CASC5 [2237-2256]
11	5675	FNSSINNIHEMEIQLKDALE	CEP55 [160-179]	30	5925	LHSVEEKLSGDSVNSLPQSV	CCDC110 [139-158]
11	5676	NGDHRIGIFAKRAIQTGEEL	EZH2 [703-722]	30	5926	VHNLPQHLFGYSWYKGERVD	CEA [55-74]
11	5677	ITNEHESLKMVKKLFATSIS	HORMAD2 [25-44]	30	5927	AFKSHVSTLTDLQPYMRQFV	hTERT [758-777]
11	5678	DKEQLRPSFLLSSLRPSLTG	hTERT [337-356]	30	5928	RILRSRRSPLLKSGPFGKKY	KIF20A [871-890]
11	5679	SELALRRSQRLAASASTQQL	KIF20A [670-689]	30	5929	RITKANVDLLPRGAPERQRL	MSLN [143-162]
11	5680	ITAQENDMEVELPAAANSRK	MCAK [122-141]	30	5930	VGDDGTIFVVPKLSEFELIK	TDRD4 [1190-1209]
11	5681	EDLDALPLDLLLFLNPDAFS	MSLN [113-132]	30	5931	VQNSHFKEPLVSDEKSSELI	TTK [330-349]

[0517] 实例17个性化选择肽以治疗癌症

[0518] 对癌症患者的有效免疫疗法刺激T细胞应答(理想地是CD4+和CD8+T细胞应答),其靶向由特定患者的癌细胞表达的TAA。

[0519] 对于特定癌症患者的治疗,包含3286个热点氨基酸序列中的一个或多个的肽,可以基于以下选择:(i)癌症类型(选择包含热点序列的肽,所述热点序列是与患者的癌症相关的TSA的片段);(ii)TSA表达或TSA表达率(患者癌细胞样品和选择包含实际上在患者癌细胞中表达的TSA片段的热点序列的肽;或选择包含在患者癌症类型中最频繁表达的TSA片段的热点序列的肽);(iii)患者HLA基因型(选择包含TSA片段的肽,所述TSA片段包含能够结合患者的至少三个HLA I类等位基因(HLA I类结合性PEPI3+)的T细胞表位的氨基酸序列(并且理想地还包含能够结合患者的多个HLA II类等位基因的T细胞表位的氨基酸序列(HLA II类结合性PEPI2/3/4/5+))。

[0520] 为了说明选择包含热点氨基酸序列的肽来治疗个体患者的选择,在具有已知HLA基因型的三个结肠直肠癌患者、一个卵巢癌患者和三个的乳腺癌患者的热点序列中鉴定了HLA I类结合性PEPI3+。仅考虑热点序列,其是与相应癌症(结肠直肠癌、卵巢癌、乳腺癌,表24)相关的TSA的片段。含有这种PEPI3+的热点序列的数目和使用所选的包含热点氨基酸序列的肽可以靶向的抗原的数目示于表26中。如所预期的,使用在实施例16中描述的方法的更多数量的循环之后,使用识别的热点序列,更多的包含PEPI3+的热点被识别,更多的TSA被靶向。

[0521] 表26与患者HLA背景匹配的可选肽的数目)与适应症相关的抗原。在最大循环=1的情况下,每个抗原仅具有一个潜在的肽,因肽和抗原是一起选择的。最大循环>1意味着多于一种的肽与单一抗原相关,并且多于一种的肽有望与患者的HLA集匹配,因此肽数>=抗原数。

[0522]

适应症 最大值（抗原数）	患者ID	最大循环=1		最大循环=3		最大循环=5		最大循环=30	
		肽数	抗原数	肽数	抗原数	肽数	抗原数	肽数	抗原数
结直肠癌（70个抗原）	结直肠癌患者1	16	16	32	24	36	25	63	27
	结直肠癌患者2	13	13	29	15	34	27	54	28

[0523]

	结直肠癌患者3	14	14	36	31	48	37	98	43
卵巢癌（54个抗原）	卵巢癌患者1	10	10	17	14	28	20	51	22
乳腺癌（70个抗原）	乳腺癌患者1	27	17	45	31	60	34	99	35
	乳腺癌患者2	23	13	43	35	48	36	86	36
	乳腺癌患者3	13	13	26	19	33	23	60	28

[0524] 表27显示了肽/热点氨基酸序列，其是实例16中描述的方法的第一个循环中刚刚鉴定的乳腺癌相关TSA的片段，预期在表26的三个乳腺癌患者中诱导T细胞应答。

[0525] 表27乳腺癌患者的肽选择的选项。序列是已知的乳腺癌相关CTA的片段，并在实施例x中描述的方法的第一循环中鉴定。“+”表示肽包含受试者匹配的HLA I类结合性PEPI3+

[0526]

SEQ ID NO	序列	乳腺癌患者1	乳腺癌患者2	乳腺癌患者3
4	PHNFRVYSYSGTGIMKPLDQ	-	-	-
7	DEVSFYANRLTNLVIAMARK	+	+	-
8	IDDLSFYVNRLSSLVIQMAH	-	+	+
10	ARAVFLALSAQLLQARLMKE	-	-	-
16	QTTQNGRFYAISARFKPFSN	-	-	-
19	EGKDPAFTALLTTQLQVQRE	-	-	-
20	QGPTAVRKRFFESIIKEAAR	-	-	-
21	ATAQLQRTPMSALVFPNKIS	-	+	-
22	LDMVHSLLHRLSHNDHILIE	+	-	-
26	HTRFTQSGTMKIHILQKHGE	+	-	-
29	NTGEMSSNSTALALVRPSSS	-	-	-
32	NLLRGIDSLFSAPMDFRGLP	-	+	-
35	SERVRTYWIIIELKHKAREK	+	+	-
40	EHLEVKFMNPYNAVLTKKFQ	+	+	-
41	SGSSYFVLANGHILPNSENA	-	-	-
42	ISDTKDYFMSKTLGIGRLKR	+	-	-
44	EEMRSHYVAQTGILWLLMNN	-	-	-
45	SRGKSTYYWPRPRRYVQPPE	-	-	-
46	WRGRSTYYWPRPRRYVQPPE	-	-	-
48	ALSRHMSSLSHISPFSHSSH	-	+	-
51	RLNDLQMSNFVNLKNITYLV	-	+	-
54	KKVNFLDMSLDDIIIYKELE	-	-	+
57	KLRYRYTLDDLYPMMNALKL	+	+	+
60	PDSRLLQLHITMPFSSPMEA	+	+	-
61	QRNVAIMKSIIPAIVHYSPD	+	-	-
62	SEELNIILQGNIILSTEKSK	-	-	-
64	VKVLEYVIKVSARVRFFFPS	-	+	+
65	DDTTAMASASSSATGSFSYP	-	-	-
66	DPTSHSYVLVTSLNLSYDGI	+	+	-
67	ALSRKMAELVHFLLLKYRAR	+	+	-
68	GREDSVFAHPRKLLMQDLVQ	+	-	+
69	FPVIFSKASSSLQLVFGIEL	-	-	-
70	VNARVRIAYPSLREAALLEE	-	-	-
71	KSPQGASAIPTAIDFTLWRQ	-	-	-
72	KKLLTQYFVQENYLEYRQVP	-	-	+
73	RAPEEAIWEALSVMGLYDGR	-	+	-
74	PAQLEFMFQEALKLKVAELV	+	+	+
80	RPVSSFFSYTLASLLQSSHE	-	-	+
81	ATVMASESLSVMSSNVSFSE	+	-	-
83	RSQAGMFIYSNNRLIKMHEK	+	-	+
87	EEAFSRASLVSVYNSYPYYP	+	-	-
90	QSQGSVLAFTRTFIATPGSS	-	+	-
91	KRASQYSGQLKVLIAENTML	+	-	-
93	KEFTVSGNILTIRLTAADHR	-	-	-

96	EKSTKYVFDSAPSHSISART	-	-	-
97	NSPLPFQWRITHSFRWMAQV	-	+	+
105	KEMELWMKAMLDAALVQTEP	+	-	-
106	QYAHKLAFLVGQSIHREPNL	+	-	-
107	RSVVGFVASINLTLTKWYSR	+	+	+
110	KAVSQDMVIYSTEIHYSSKG	-	-	-
111	RLDQLLRHVMNPLETLSITN	-	+	-
116	PPAFINMAATGVSSMSTRDQ	+	-	-
118	NNNIEKMITAFEELRVQAEN	-	+	-
122	QSSGISFQSKYLSFFILGQT	-	-	-
124	PDNIPAFAAAYFESLLEKRE	+	+	-
126	RDAVKFFVAVPGQVISPQSS	+	-	-
127	KKMKTSESSTILVVRYRRNV	-	-	+
129	AEIQALTFLSSDYLSRVYLP	-	-	-
130	RIQVEHPQMTFGRLHRIIPK	+	-	+
131	VERPQMTFGRLQGISPKIMP	+	-	-
132	QRPQMTFGRLQGIFPKIMPK	+	-	-
133	SEKIVYVYMKLNYEVMTKLG	-	+	-
134	NQVEHPQMTFGRLQGIFPKI	-	-	-
135	EFEETAKKVRRAIEQLAAMD	-	-	-
142	LSQFWEFSETTASTVSTTLH	-	-	-
149	EELQKVQFEKVSALADLSST	+	+	-
155	VGILHLGSRQKKIRIQLRSQ	-	-	-

[0527]

[0528] 实例18用于治疗癌症的多核酸的选择

[0529] 如果以编码肽的多核酸或载体形式递送给患者，一些难以制造和用作肽疫苗的肽仍可用于疫苗和免疫疗法。为了最佳地设计由核酸或载体编码的用于治疗癌症的肽组以施用于患者，重复实例16的方法，但不消除不满足肽制造可行性要求的热点序列。表28示出了在前20个周期中识别的热点序列和它们的TSA是片段。

[0530] 表28热点序列和对应的TAA

循环	SEQ ID NO	氨基酸序列	源抗原 [抗原中的氨基酸位点]	循环	SEQ ID NO	氨基酸序列	源抗原 [抗原中的氨基酸位点]
1	2787	AGDGRLRLARLALVLLGWVS	5T4[11-30]	19	4110	PFKCSMCKYASVEASKLKRH	CTCFL[341-360]
1	2788	ELLHTFLRWKTSYLVLRPHD	ADAM2[245-264]	19	4111	DSLCPQVINAALTLAARPQS	CTNNA2[456-475]
1	2789	NKTLGTFSIAVAHHLGHNLG	ADAM29[320-339]	19	4112	FYEHIITVGTGQGSLLFYDI	DCAF12[348-367]
1	2790	IARRHPFLYAPTILLWAARY	AFP[166-185]	19	4113	HGRLLSADTKGWVRLQFHAG	DPPA2[227-246]
1	2791	MAARAVFLALSAQLLQARLM	BAGE-1[1-20]	19	4114	NRQCQCTSVGAQNTVICSKL	EpCAM[43-62]
1	2792	MAAGVVFLALSAQLLQARLM	BAGE-2[1-20]; BAGE-3[1-20]	19	4115	CSPGFFKFEASESPCLECPE	EPHA2[276-295]
1	2793	MAAGAVFLALSAQLLQARLM	BAGE-5[1-20]	19	4116	GDFQEAMTHLQHKLICTRKP	FAM46D[209-228]
1	2794	YKDAYKFAADVRLMFMNCYK	BRDT[331-350]	19	4117	PQDQSCWAFLPDLCLCRVFW	FBXO39[10-29]
1	2795	ASQLASKMHSLLALMVGLLT	CAGE1[610-629]	19	4118	EQLKCLLDECILKQKSIIKL	FSIP1[406-425]
1	2796	WAICMLRVALATVYFQEEFL	CALR3[9-28]	19	4119	HEIFNLLSFTLNPLEGKLQQ	GASZ[228-247]
1	2797	PEVLHMIYMRALQIVYGIRL	CDCA1[42-61]	19	4120	FSHSSHMLTTPTPMHPPSSL	GATA-3[410-429]
1	2798	PCEYYFRVYHSLCPISWVES	COX6B2[55-74]	19	4121	SSRRRELIQKLKSFISFYSA	Glypican-3[385-404]
1	2799	EAARCMRRDFVKHLKKKLKR	CT45[168-187]	19	4122	LHDPSGYLAEADLSYTWDFG	gp100[244-263]
1	2800	LIRKIYILMQNLGPLPNDVC	CT46[153-172]	19	4123	CYVNDIVLAILELLKYHQRV	HDAC1[151-170]
1	2801	HFVLLDMVHSLLHRLSHNDH	CT47[120-139]	19	4124	YGAGHPMKPHRLALTHSLVL	HDAC3[18-37]
1	2802	NYIDQFLLTSFPTFTSVGVL	CTAGE1[34-53]	19	4125	IGTGAVIIIFCIALILGAFF	IGFS11[247-266]
1	2803	FFAVLFLWRSFRSVTSRLYV	CTAGE2[23-42]	19	4126	CTNGSEVQSSWAETTYWISP	IL13RA2[113-132]
1	2804	HCDVCMFTSSRMSSFNRHMK	CTCFL[258-277]	19	4127	MPKTGFLIIVLVMIAMEGGH	MAGE-A1[189-208]
1	2805	MNFYLLLASSILCALIVFWK	CXorf61[1-20]	19	4128	NMMGLYDGMEHLIYGEPRKL	MAGE-A10[251-270]
1	2806	AATVPATAAGVVAVVVPVPA	DBPC[15-34]	19	4129	LGLVGAQALQAEEQEAAFFS	MAGE-A11[133-152]
1	2807	WVPTTHRRMISLFLLPACIF	DPPA2[249-268]	19	4130	FTKAEMLGSVIRNFQDFFPV	MAGE-A12[130-149]
1	2808	CSERVRTYWIIIELKHKARE	EpCAM[135-154]	19	4131	LLGDNQVMPKTGLLIIVLAI	MAGE-A2[189-208]
1	2809	QYTEHFMAAGYTAIEKVVQM	EPHA2[920-939]	19	4132	LVHFLLLKYRAREPVTKAEM	MAGE-A3[116-135]
1	2810	YQPAPYFAAEARYPIYVIPE	FAM46D[349-368]	19	4133	LLGDNQIMPKTGFLIIILAI	MAGE-A6[189-208]
1	2811	ETLIIAVLVSASIANLWLWM	FATE1[162-181]	19	4134	HAETSYEKVINYLVMLNARE	MAGE-A9[277-296]
1	2812	CSGSSYFVLANGHILPNSEN	FMR1NB[91-110]	19	4135	DPPRFQFLWGPRAYAETSKM	MAGE-B2[267-286]
1	2813	TLELYTSYLYLSMAFYFNRD	FTHL17[26-45]	19	4136	DGNQSSAWTLPRNGLLMPLL	MAGE-B4[186-205]
1	2814	TGILWLLMNNCFLNLSPRKP	GAGE-1[119-138]	19	4137	SILKADMLKCVRREYKPYFP	MAGE-B6[215-234]
1	2815	SVDSNFQYGWTPLMYAASVA	GASZ[71-90]	19	4138	DYFPVILKRAREFMELLFGL	MAGE-C2[176-195]
1	2816	FEFVGEFFTDVSLYILGSDI	Glypican-3[142-161]	19	4139	GSAATWGQDVTSVPVTRPAL	MUC-1[89-108]
1	2817	GKTLCYLMPGFIHLVLQPSL	HAGE[291-310]	19	4140	NVSCNQLDTGVPLLCEALCS	NLRP4[757-776]

[0531]

[0532]

1	2818	AKCVEFVKSFNLPMLMLGGG	HDAC1[282-301]	19	4141	PLGTPMLIEDGYAVTQAELF	NR6A1[265-284]
1	2819	EASGFCYVNDIVLAILELLK	HDAC2[147-166]	19	4142	AVTCGFHHIHEQIMEYIRKL	NY-BR-1[189-208]
1	2820	GECVEYVKSFNIPLLVLGGG	HDAC3[277-296]	19	4143	AEMDGAAAAKQVMALKDTIG	ODF2[214-233]
1	2821	ALINLNVIWMVTPLSNANQP	IGFS11[51-70]	19	4144	PMVMGPNTVGKASQPSFSIK	ODF3[145-164]
1	2822	GYLGYLYLQWQPPLSLDHFK	IL13RA2[44-63]	19	4145	AVFQCAQCHAVLADSVHLAW	OIP5[76-95]
1	2823	CDDSYHTFCLIPPLHDVPKG	JARID1B[330-349]	19	4146	GFMITLSTDGVIICVAENIS	PASD1[43-62]
1	2824	DDAAPRVEGVPVAVHKHALH	KAAG1[3-22]	19	4147	ADIFAFGLTLWEMMTLSIPH	PBK[228-247]
1	2825	CPDESWALKAIEALSGKIEL	KOC1[44-63]	19	4148	TFKLCHMYWNWPGTIRVPAP	PIWIL2[924-943]
1	2826	GIFIIVVFVYLTVENKSLFG	LEMD1[162-181]	19	4149	NNFTLAFIVVKKRINTRFFL	PIWIL3[752-771]
1	2827	KYSAHAFQFSPRNVLWLLVV	LIPI[13-32]	19	4150	IPQHKLSLWPGFAISVSYFE	PIWIL4[235-254]
1	2828	VDPTGHSFVLVTSLGLTYDG	MAGE-A10[194-213]	19	4151	FDECGITDDQLLALLPSLSH	PRAME[385-404]
1	2829	VALSRKMAELVHFLLLKYRA	MAGE-A12[107-126]	19	4152	AMNFDFPFKKGSGIPLLTTN	RAGE-1[234-253]
1	2830	FRAALSKKVADLIHFLLLKY	MAGE-A5[105-124]	19	4153	LEEDLQIATKTICQLTEEKE	SCP-1[341-360]
1	2831	VKDPVAWEAGMLMHFILRKY	MAGE-B1[104-123]	19	4154	SCHSFQSAYLIVDRDEAWVL	SCRN1[149-168]
1	2832	WTLPRNGLLMPLLSVIFLNG	MAGE-B4[193-212]	19	4155	CCSLDLLMKKIKGKDLQLLE	se57-1[85-104]
1	2833	FLWGPRAYAETTKMRVLRVL	MAGE-B6[357-376]	19	4156	KATEYLVIIGASEFLPIYLE	SLCO6A1[392-411]
1	2834	RRRNGYRALMDKSLHVGTQC	MART1[49-68]	19	4157	GSDQHVASHLPLHPIMHNKP	SOX-6[32-51]
1	2835	PARWSFRAYTSVLYFNPWMR	MORC1[232-251]	19	4158	GDTFLLLIQSLKNNLIEKDP	SPAG1[847-866]
1	2836	VFCLTVVCWTWVPLRGPSSP	NA17-A[12-31]	19	4159	KSDSPKSAQKFSLILKILSM	SPO11[101-120]
1	2837	NQKICIFVNHSTAPYSVKNK	NXF2[189-208]	19	4160	NQEKLCMLTAELLEYCNAPK	TDRD1[965-984]
1	2838	NTALHYAVYSEILSVVAKLL	NY-BR-1[84-103]	19	4161	PVWGLQLLLPLLLPSFIHFS	TEX101[230-249]
1	2839	MVILTILAIAPSVPFAANCF	NYD-TSPG[348-367]	19	4162	LKRLSSFIGAGSPSLVKACD	TEX14[1285-1304]
1	2840	SRLLEFYLAMPFATPMEAEL	NY-ESO-1[85-104]	19	4163	LSKPIFCFVKDVHPDLEMND	TEX15[2511-2530]
1	2841	CLCDYKLYCLRPSLRSLERK	ODF1[74-93]	19	4164	SRAAQMAVPSSRILQLSKPK	THEG[256-275]
1	2842	LRAPAYSFRGAPMLLAENCS	ODF3[46-65]	19	4165	IALQEKESEIQLLKEHLCLA	TSGA10[583-602]
1	2843	IPVGFHLYSTHAALAALRGH	OIP5[142-161]	19	4166	AGCQKSEAPPIYLQVSSYQH	TSP50[332-351]
1	2844	FPTYDYFNQVTLQLLDGFMI	PASD1[27-46]	19	4167	ALLAGLVSLLCRHKRKQLPE	TYR[490-509]
1	2845	ASQDPFPAAIILKVALNMAR	PBK[133-152]	19	4168	PVETKAHFDSSEPQLLWDCD	ZNF165[165-184]
1	2846	EMELWMKAMLDAALVQTEPV	PEPP2[255-274]	20	4169	PILPPSLQTSYVFLGIVLAL	5T4[346-365]
1	2847	PAPCQYAHKLAFLVGQSIHR	PIWIL1[829-848]	20	4170	FESFCQFTHYRCSNHVYYAK	ACRBP[100-119]
1	2848	MRSVVGFVASINLTLTKWYS	PIWIL2[754-773]	20	4171	CDRRCLFQLETVAVTQMNKC	ACTL8[193-212]
1	2849	PAPCHYAHKLAYLVGQSIHQ	PIWIL3[850-869]	20	4172	KMCDANYAGGVVLHPRTISL	ADAM2[285-304]
1	2850	LNKQGMMMSIATKIAMQMTC	PIWIL4[582-601]	20	4173	CSQPRCIMHEGNPPITKFSN	ADAM29[349-368]
1	2851	LCSIDWFMVTVHPFMLNNDV	PLAC1[29-48]	20	4174	TLHRNEYGIASILDSYQCTA	AFP[20-39]
1	2852	HLERLAYLHARLRELLCELG	PRAME[456-475]	20	4175	DILCPKAKRTSRFLSGIINF	CDCA1[108-127]
1	2853	NASGAHALQPAAAILALLPA	PSCA[84-103]	20	4176	APPWEQDYRMMFPPPGQSYP	CTAGE2[565-584]
1	2854	EKKIMHYMYQLCKSLDHIRR	RAGE-1[102-121]	20	4177	KGAKGTFHCDVCMFTSSRMS	CTCFL[251-270]
1	2855	PTGLINMAATPIPAMSARDL	SAGE1[179-198]	20	4178	PHCRDEMAAARGALKKNATM	CTNNA2[200-219]
1	2856	KRCQHKIAEMVALMEKHKHQ	SCP-1[701-720]	20	4179	TKCNTLFVVDVQTSQITKIP	DCAF12[107-126]
1	2857	QVPRTYAIMISRPAWLWGAE	SCRN1[61-80]	20	4180	KVCRDTLRDWCQQLGLSTNG	DPPA2[94-113]
1	2858	YKLPLFIAFIFSTLIFSGFS	SLCO6A1[576-595]	20	4181	SKLAAKCLVMKAEMNGSKLG	EpCAM[60-79]
1	2859	EEAVMYYTRSISALPTVVAY	SPAG1[226-245]	20	4182	ERYMCSRFFIDFPHIEEQQK	FAM46D[259-278]
1	2860	TGKLGFSFVRITALMVSCNR	SPAG9[1138-1157]	20	4183	WASPQNFTSVCEELVNNVED	GASZ[392-411]
1	2861	VEHPQMTFGRLHRIIPKIMP	SSX-1[94-113]	20	4184	IDKYWREYILSLEELVNGMY	Glypican-3[292-311]
1	2862	EKIVYVYMKLNYEVMTKLGF	SSX-4[44-63]	20	4185	GTATLRLVKRQVPLDCVLYR	gp100[460-479]
1	2863	EHPQMTFGRLQGIFPKITPE	SSX-5[95-114]	20	4186	HYGLYKKMIVFKPYQASQHD	HDAC3[38-57]
1	2864	PHPGTVISHSVAMLILIGSL	TAG-1[1019-1038]	20	4187	GRQCVEHYRLLHRYCVFSHD	JARID1B[611-630]
1	2865	LPASTLSRLSNRLLLRLECN	TAG-2a[37-56]	20	4188	TGAVGMACAISILLKDLADE	LDHC[28-47]
1	2866	YLPGYRYLNSWRPSLFYKIA	TEKT5[40-59]	20	4189	GASLDNFHFIGVSLGAHISG	LIPI[168-187]
1	2867	AMIGCRLMSGILAVGPMFVR	TEX101[187-206]	20	4190	LESLFRAVITKKVADLVGFL	MAGE-A1[94-113]
1	2868	LTGATQMAYLGSLPVIGEKE	TEX14[221-240]	20	4191	AQIACSSPSVVASLPLDQSD	MAGE-A10[87-106]
1	2869	TLYFYKFFLPTILSLSFFIL	TMEM31[132-151]	20	4192	LGDNQIVPKTGLLIIVLAII	MAGE-A12[190-209]
1	2870	GFLEKEFYHKTNIKMRCEFL	TRAG-3[18-37]	20	4193	YLQLVFGIEVVEVVPISHLY	MAGE-A2[157-176]
1	2871	APSRTLLLALPLPLSLLAAL	TSP50[366-385]	20	4194	IGHLYIFATCLGLSYDGLLG	MAGE-A3[172-191]
1	2872	HLCKIMLFFRSNPYFQNKVI	TSPY1[197-216]	20	4195	IWKFMNVLGAYDGEEHLIYG	MAGE-B1[220-239]
1	2873	KGAATKMAAVTAPEAESAPA	VCX[53-72]	20	4196	CATEEKIWEFLNKMRIYDGK	MAGE-B3[217-236]
1	2874	DVRDLNALLPAVPSLGGGGG	WT1[4-23]	20	4197	RLSKDAVKKKACTLAQFLQK	MAGE-B6[189-208]
1	2875	SRQKKIRIQLRSQCATWKVI	XAGE-1[20-39]; XAGE-1b[20-39]	20	4198	RYTGYFPVIFRKAREFIEIL	MAGE-C1[941-960]
1	2876	CKECGRAFNLNSHLIRHQRI	ZNF165[402-421]	20	4199	ARWSFRAYTSVLYFNPWMRI	MORC1[233-252]
2	2877	PTSSASSFSSSAPFLASAVS	5T4[34-53]	20	4200	QSGAGVPGWGIALLVLVCVL	MUC-1[1151-1170]
2	2878	SVWLGASVVAHLSTYQSEWM	ACTL8[336-355]	20	4201	LVANFEKARRAHWIFLGCFL	NLRP4[484-503]
2	2879	VFQLIGLTNAIFVSFNITII	ADAM2[205-224]	20	4202	QLNKRYWYICQDFTEYKYTH	NR6A1[413-432]
2	2880	ETFMNKFIYEIARRHPFLYA	AFP[156-175]	20	4203	DQSAYVSAIRDCFPKLLRLD	NXF2[338-357]
2	2881	SGQMVEHLMNSVMKLCVIIA	AKAP-3[666-685]	20	4204	TRKDCLAKHLKHMRRMYGTS	NYD-TSPG[154-173]
2	2882	AVLQWIAASQFNVPMLYFMG	AKAP-4[776-795]	20	4205	IDTSNSEAISSSSIPQFPIT	PASD1[656-675]
2	2883	RCIIILVLQEPTAFRISVTS	BAGE-2[60-79]	20	4206	KELTPTSPDCLRYYNILFRR	PIWIL3[212-231]
2	2884	SVTSSCFVQNTLTKLLKDRR	BAGE-3[76-95]; BAGE-2[76-95]	20	4207	LETWGLHFGSQISLTGRIVP	PIWIL4[431-450]
2	2885	MLAKKHFSYAWPFYNPVDVN	BRDT[283-302]	20	4208	VLPGLAYLATADMPAMSTRD	SAGE1[366-385]
2	2886	CKVDGFTHLYTLILRPDLSY	CALR3[163-182]	20	4209	MIGYALGYVLGAPLVKVPEN	SLCO6A1[275-294]
2	2887	CCHPSNFIIEAPGHMSDVEW	CCDC62[515-534]	20	4210	FVRITALMVSCNRLWVGTGN	SPAG9[1145-1164]
2	2888	IRLEHFYMMPVNSEVMYPHL	CDCA1[59-78]	20	4211	KKLWDTFHVPVFTLVDADPH	SPO11[262-281]
2	2889	NCYQNFLDYHRCLKTRTRRG	COX6B2[31-50]	20	4212	EDVPLAAKLVDLPCVIESLR	TAF7L[145-164]
2	2890	VGHYTQLVWYSTYQVGCGIA	CRISP2[134-153]	20	4213	GYVDYGNFEILSLMRLCPII	TDRD1[575-594]
2	2891	PTAVRKRFFESIIKEAARCM	CT45[154-173]	20	4214	QDTLQLLVMTKCRLEHELAI	TEKT5[437-456]

[0533]

2	2892	HAAARNLWGNLPPLLLPQRL	CT47[155-174]	20	4215	AFCELQTYHDQLVELLEETK	TEX15[1755-1774]
2	2893	MFVIISLHNCVVISFVLFLF	CTAGE1[1-20]	20	4216	IKLLRNIPRWTHLLRLLRLI	TPTE[181-200]
2	2894	VRREKKFAVALSGLIEEKCK	CTAGE2[42-61]	20	4217	WVLTVAHCLIWRDVIYSVRV	TSP50[147-166]
2	2895	HICHTRFTQSGTMKIHILQK	CTCFL[401-420]	20	4218	STPMFNDINIYDLFVWMHYY	TYR[163-182]
2	2896	HISDSFLETNVPLLVLIEAA	CTNNA2[387-406]	20	4219	PFMCAYPGCNKRYFKLSHLQ	WT1[322-341]
2	2897	MLRLLRLALAFYGRTADPAE	CXorf48[1-20]	20	4220	HDGCERRLNLNSNEFTHQKS	ZNF165[272-291]
2	2898	RWCPPPFFYRRRFVRGPRPP	DBPC[222-241]	1	4221	VESTPMIMENIQELIRSAQE	ACRBP[275-294]
2	2899	VLAFGLLLAAATATFAAAQE	EpCAM[6-25]	1	4222	LNWEGVQYLWSFVLENHRRE	ACTL8[73-92]
2	2900	WDLMQNIMNDMPIYMYSVCN	EPHA2[52-71]	1	4223	DEVSFYANRLTNLVIAMARK	AKAP-3[122-141]
2	2901	VPKQMMQMFGLGAISLILVC	FMR1NB[180-199]	1	4224	IDDLSFYVNRLSSLVIQMAH	AKAP-4[214-233]
2	2902	ACGLYYKLHNINRPLTMKKE	GATA-3[341-360]	1	4225	RTKKELASALKSALSGHLET	ANXA2[78-97]
2	2903	IQKLKSFISFYSALPGYICS	Glypican-3[392-411]	1	4226	PSNINQFAAAYFQELTMYRG	CABYR[30-49]
2	2904	LLVLMAVVLASLIYRRRLMK	gp100[603-622]	1	4227	SPASELIAIQDSHSLGSSKS	CCDC62[566-585]
2	2905	NDLQMSNFVNLKNITYLVLD	HAGE[377-396]	1	4228	EGKDPAFTALLTTQLQVQRE	CRISP2[20-39]
2	2906	ASGFCYVNDIVLAILELLKY	HDAC1[147-166]	1	4229	FAVLFFLWRSFRSVRSRLYV	cTAGE5[53-72]
2	2907	GAESGRYYCLNVPLRDGIDD	HDAC3[210-229]	1	4230	KKNATMLYTASQAFLRHPDV	CTNNA2[214-233]
2	2908	TVTIRNISALSSGLYQCVAS	IGFS11[199-218]	1	4231	NEDNIYISNSIYFSIAIVSE	CXorf48[122-141]
2	2909	YKLRYRYTLDDLYPMMNALK	JARID1B[730-749]	1	4232	SRVLHGYAAQQLPSLLKERE	DCAF12[64-83]
2	2910	LHDGLRQVAGPGAAAAHLPR	KAAG1[21-40]	1	4233	NLLRGIDSLFSAPMDFRGLP	DKKL1[63-82]
2	2911	GTGAVGMACAISILLKDLAD	LDHC[27-46]	1	4234	IAERQRVMAAQVALRRQQAQ	DMRT1[108-127]
2	2912	STRKLYEKKLVQLLVSPPCA	LEMD1[29-48]	1	4235	KRDNRVAYMNPIAMARWRGP	FAM133A[3-22]
2	2913	DYFPEIFREASVCMQLLFGI	MAGE-A11[258-277]	1	4236	EHLEVKFMNPYNAVLTKKFQ	FBXO39[90-109]
2	2914	FQDFFPVIFSKASEYLQLVF	MAGE-A12[143-162]	1	4237	ISDTKDYFMSKTLGIGRLKR	FSIP1[515-534]
2	2915	PPQSPQGASALPTTISFTCW	MAGE-A4[62-81]	1	4238	MSWRGRSTYRPRPRRYVEPP	GAGE-2[1-20]; GAGE-1[1-20]; GAGE-8[1-20]
2	2916	LKSPQGASAIPTAIDFTLWR	MAGE-A5[62-81]	1	4239	SRGKSTYYWPRPRRYVQPPE	GAGE-3[4-23]
2	2917	FLWGPRAYAETSKMKVLEFL	MAGE-B2[273-292]	1	4240	WRGRSTYYWPRPRRYVQPPE	GAGE-6[3-22]; GAGE-7[3-22]
2	2918	PREDAHFIYGYPKKGHGHSY	MART1[2-21]	1	4241	ALSRHMSSLSHISPFSHSSH	GATA-3[396-415]
2	2919	KFRPGSVVVQLTLAFREGTI	MUC-1[1093-1112]	1	4242	DGGNKHFLRNQPLTFALQLH	gp100[226-245]
2	2920	MVLPDVFIRCVVFCLTVVCW	NA17-A[1-20]	1	4243	KKVNFLDMSLDDIIIYKELE	HOM-TES-85[21-40]
2	2921	QYIPHLFSYSGHSPLLPQQA	NR6A1[224-243]	1	4244	IQNHDIMHAIISPLRSANTV	KU-CT-1[435-454]
2	2922	GQSQGSVLAFTRTFIATPGS	NXF2[509-528]	1	4245	PDSRLLQLHITMPFSSPMEA	Lage-1[83-102]
2	2923	LLKEFTVSGNILTIRLTAAD	NY-ESO-1[122-141]	1	4246	QRNVAIMKSIIPAIVHYSPD	LDHC[111-130]
2	2924	EKDVTYSYGLGSCVKIESPC	ODF1[183-202]	1	4247	VKVLEYVIKVSARVRFFFPS	MAGE-A1[277-296]
2	2925	PPTTGFMKHTPTKLRAPAYS	ODF3[33-52]	1	4248	DPTSHSYVLVTSLNLSYDGI	MAGE-A11[283-302]
2	2926	SNRIHTSAHVMSMGLLHFYK	ODF4[121-140]	1	4249	GREDSVFAHPRKLLMQDLVQ	MAGE-A2[233-252]
2	2927	SLGAVVFSRVTNNVVLEAPF	OIP5[100-119]	1	4250	FPVIFSKASSSLQLVFGIEL	MAGE-A3[147-166]
2	2928	DGPDTKRVCLRNEEQMKLPA	PAGE1[77-96]	1	4251	VNARVRIAYPSLREAALLEE	MAGE-A4[294-313]
2	2929	GLTLWEMMTLSIPHINLSND	PBK[234-253]	1	4252	KKLLTQYFVQENYLEYRQVP	MAGE-A6[243-262]
2	2930	NRKYAFKAAHPNMRTYYFCT	PEPP2[231-250]	1	4253	RAPEEAIWEALSVMGLYDGR	MAGE-A8[218-237]
2	2931	GKQQTVMAIATKIALQMNCK	PIWIL1[592-611]	1	4254	PAQLEFMFQEALKLKVAELV	MAGE-A9[97-116]
2	2932	CLRYYNILFRRTFKLLDFEQ	PIWIL3[221-240]	1	4255	SSDPPRFQFLWGPRAYAETS	MAGE-B2[265-284]
2	2933	YFERKLLFSADVSYKVLRNE	PIWIL4[252-271]	1	4256	LIMKTNMLVQFLMEMYKMKK	MAGE-B3[111-130]
2	2934	FKFIGLMILLTSAFSAGSGQ	PLAC1[4-23]	1	4257	RPVSSFFSYTLASLLQSSHE	MAGE-C1[777-796]
2	2935	RHSQTLKAMVQAWPFTCLPL	PRAME[64-83]	1	4258	ATVMASESLSVMSSNVSFSE	MAGE-C2[354-373]
2	2936	PGSPRSWLLLCPLSHVLFRA	PRSS55[330-349]	1	4259	EIYNEYIYDLFVPVSSKFQK	MPHOSPH1[277-296]
2	2937	MAGLALQPGTALLCYSCKAQ	PSCA[1-20]	1	4260	GVSFFFLSFHISNLQFNSSL	MUC-1[1039-1058]
2	2938	QVRGGMVFELANSIVLPFDC	PSMA[578-597]	1	4261	EEAFSRASLVSVYNSYPYYP	NKX3.1[202-221]
2	2939	AASDNVFSTVPPAFINMAAT	SAGE1[592-611]	1	4262	SLLRKKMLPEASLLIAIKPV	NLRP4[263-282]
2	2940	EDANSCHSFQSAYLIVDRDE	SCRN1[145-164]	1	4263	IERLIYLYHKFHQLKVSNEE	NR6A1[369-388]
2	2941	LWTWWINFLFAAVVAWCTLI	SLCO6A1[311-330]	1	4264	ADKDLYVAEALSTLESWRSR	ODF2[428-447]
2	2942	QFIPSTMAAAAASGLSPLQL	SOX-6[306-325]	1	4265	NSPLPFQWRITHSFRWMAQV	ODF4[63-82]
2	2943	KGIVLVALADGTLAIFHRGV	SPAG9[1010-1029]	1	4266	MGFLRRLIYRRRPMIYVESS	PAGE1[1-20]
2	2944	MIITTWIVYILARKGVGLPF	SPATA19[1-20]	1	4267	GPDMEAFQQELALLKIEDEP	PAGE2[65-84]
2	2945	DSILRRPYVTCQPFWRKEME	SPO11[340-359]	1	4268	RGDGQEAPDVVAFVAPGESQ	PAGE4[12-31]
2	2946	FLKDHRISTFKNWPFLEGCA	Survivin[13-32]	1	4269	GTDVEAFQQELALLKIEDAP	PAGE5[84-103]
2	2947	VTGYKMLYQNDLHLTPTLHL	TAG-1[944-963]	1	4270	KNTPGIYTSLVNYNLWIEKV	PRSS55[279-298]
2	2948	ECNVVIIAHCNLEPLVSRDP	TAG-2a[54-73]	1	4271	SNPIVLRMMNDQLMFLERAF	PSMA[656-675]
2	2949	IPVWGLQLLLPLLLPSFIHF	TEX101[229-248]	1	4272	GSTGFSSRLAATQDLPFIHQ	RCAS1[123-142]
2	2950	EPTFSFFSGPYMVMTNLVWN	TEX14[247-266]	1	4273	KDSITVFVSNLPYSMQEPDT	SART3[701-720]
2	2951	GLPIILHLFALSTLYFYKFF	TMEM31[120-139]	1	4274	KLNQEYSQQFLTLFQQWDLD	SCP3a[120-139]
2	2952	KIKKIVHSIVSSFAFGLFGV	TPTE[80-99]	1	4275	TSELKTEGVSPYLMLIRLRK	se57-1[316-335]
2	2953	IKMRCEFLACWPAFTVLGEA	TRAG-3[30-49]	1	4276	KERQLSTMITQLISLREQLL	SOX-6[187-206]
2	2954	QNYSSNAYHMSSTMKPNTKC	TSGA10[651-670]	1	4277	PDNIPAFAAAYFESLLEKRE	SP17[32-51]
2	2955	IWRDIDFAHEAPAFLPWHRL	TYR[194-213]	1	4278	KKMKTSESSTILVVRYRRNV	SPAN-Xc[40-59]
2	2956	ASSGQARMFPNAPYLPSCLE	WT1[120-139]	1	4279	TRIQFIRWSHTRIFQVPSEM	SPATA19[112-131]
2	2957	KKIRIQLRSQCATWKVICKS	XAGE-1c[102-121]	1	4280	AEIQALTFLSSDYLSRVYLP	SPO11[368-387]
3	2958	LRRLELASNHFLYLPRDVLA	5T4[212-231]	1	4281	VERPQMTFGRLQGISPKIMP	SSX-2[94-113]
3	2959	CDTDYIQYPNYCSFKSQQCL	ACRBP[477-496]	1	4282	QRPQMTFGRLQGIFPKIMPK	SSX-3[95-114]
3	2960	WNEPQMVFPNIVNYLPCKEN	ACTL8[22-41]	1	4283	EFEETAKKVRRAIEQLAAMD	Survivin[123-142]
3	2961	RYIENIYHSKPMRWPFFLFI	ADAM2[674-693]	1	4284	LFLRSQEAAATVQLFQEEHR	SYCE1[229-248]
3	2962	PRCIIILVLQEPTPFRISVT	BAGE-3[59-78]	1	4285	ESGQYRANEGTSSIVMEIQK	TAF7L[377-396]
3	2963	ECIEDFNTMFSNCYLYNKPG	BRDT[93-112]	1	4286	SSEVLEYMNQLSASLKETYA	TDRD1[285-304]
3	2964	EACRETYMEFLWQYKSSADK	CDCA1[132-151]	1	4287	GKINQNYASIITEAFPKPKD	TEX15[368-387]

[0534]

3	2965	TRRGKSTQPCEYYFRVYHSL	COX6B2[47-66]	1	4288	VSRAAQMAVPSSRILQLSKP	THEG[255-274]
3	2966	NQDSLKYYYVCQYCPAGNNM	CRISP2[157-176]	1	4289	DLDLTYVTERIIAMSFPSSG	TPTE[236-255]
3	2967	ECYQFKFKYTNNGPLMDFIS	CT46[113-132]	1	4290	EELQKVQFEKVSALADLSST	TSGA10[492-511]
3	2968	VVARRYPASGIHFVLLDMVH	CT47[109-128]	1	4291	HNRESYMVPFIPLYRNGDFF	TYR[420-439]
3	2969	WELVIRAAVAGFFAVLFLWR	CTAGE2[12-31]	1	4292	QTPGINLDLGSGVKVKIIPK	XAGE-1c[125-144]; XAGE-1[46-65]; XAGE-1b[46-65]
3	2970	CNDCNMAFVTSGELVRHRRY	CTCFL[315-334]	1	4293	SRQKKIRIQLRSQVLGREMR	XAGE-1d[20-39]
3	2971	SSILCALIVFWKYRRFQRNT	CXorf61[9-28]	1	4294	MSWRGRSTYRPRPRRSLQPP	XAGE-2[1-20]
3	2972	ADKPVLAIQVLGTVKWFNVR	DBPC[85-104]	1	4295	MIWRGRSTYRPRPRRSVPPP	XAGE-3[1-20]
3	2973	VLLLLLSTLVIPSAAAPIHD	DKKL1[16-35]	2	4296	SHKTPFVSPLLASQSLSIGN	ACRBP[399-418]
3	2974	CKKCNLIAERQRVMAAQVAL	DMRT1[102-121]	2	4297	RIVEIVVVIDNYLYIRYERN	ADAM29[198-217]
3	2975	TNTVEVITSAPGAMLASWAR	DPPA2[172-191]	2	4298	STPPSAYGSVKAYTNFDAER	ANXA2[18-37]
3	2976	MNDMPIYMYSVCNVMSGDQD	EPHA2[59-78]	2	4299	QLLQARLMKEESPVVSWRLE	BAGE-1[13-32]; BAGE-2[13-32]; BAGE-3[13-32]; BAGE-5[13-32]
3	2977	IWILLFVCYYLSYYLCSGSS	FMR1NB[76-95]	2	4300	AKYSSVYMEAEATALLSDTS	CABYR[372-391]
3	2978	YYWPRPRRYVQPPEMIGPMR	GAGE-7[9-28]	2	4301	ENHPKSMTMMPALFKENRND	CAGE1[756-775]
3	2979	HHPGLSHSYMDAAQYPLPEE	GATA-3[27-46]	2	4302	ATAQLQRTPMSALVFPNKIS	CT46[2-21]
3	2980	GECCKYSYKGLRSVCVYGGG	HAGE[334-353]	2	4303	ALKKLIHAAKLNASLKTLEG	cTAGE5[312-331]; CTAGE2[282-301]
3	2981	ISKVMEMYQPSAVVLQCGAD	HDAC2[246-265]	2	4304	NTGEMSSNSTALALVRPSSS	CXorf61[27-46]
3	2982	KPHRLALTHSLVLHYGLYKK	HDAC3[25-44]	2	4305	GQGSLLFYDIRAQRFLEERL	DCAF12[358-377]
3	2983	AVLPCTFTTSAALINLNVIW	IGFS11[40-59]	2	4306	TELHPRVAFWIIKLPRRRSH	DKKL1[161-180]
3	2984	QDMDCVYYNWQYLLCSWKPG	IL13RA2[141-160]	2	4307	SDSTYYSSFYQPSLFPYYNN	DMRT1[205-224]
3	2985	QCAGEFVITFPRAYHSGFNQ	JARID1B[573-592]	2	4308	GKKIEVYLRLHRHAYPEQRQ	DPPA2[113-132]
3	2986	GVPVAVHKHALHDGLRQVAG	KAAG1[11-30]	2	4309	EKEKDVRSLSKKRKKSYPDD	FAM133A[168-187]
3	2987	PVSGPFLVKTGYAFVDCPDE	KOC1[28-47]	2	4310	RRQFEFSVDSFQIVLDPMLD	FAM46D[166-185]
3	2988	PDFSMYVYEVTKSILPITNI	KU-CT-1[721-740]	2	4311	EVMRRQLYAVNRRLRALEEQ	FATE1[135-154]
3	2989	LHITMPFSSPMEAELVRRIL	Lage-1[90-109]	2	4312	NLKVNFFFERIMKYERLARI	FBXO39[282-301]
3	2990	PRIETILMMYTRNNLNCAEP	LIPI[60-79]	2	4313	KLQELSAASPTISSFSPRLE	FSIP1[326-345]
3	2991	DPACYEFLWGPRALVETSYV	MAGE-A3[265-284]	2	4314	GWESGLVAMESAFHLEKNVN	FTHL17[93-112]
3	2992	PDPESVFRAALSKKVADLIH	MAGE-A5[99-118]	2	4315	EEMRSHYVAQTGILWLLMNN	GAGE-1[109-128]
3	2993	AALSRKVAKLVHFLLLKYRA	MAGE-A6[107-126]	2	4316	MNLSRGKSTYYWPRPRRYVQ	GAGE-3[1-20]
3	2994	DPAGHSYILVTALGLSCDSM	MAGE-A9[169-188]	2	4317	MSWRGRSTYYWPRPRRYVQP	GAGE-6[1-20]; GAGE-7[1-20]
3	2995	ALPKSGLLMSLLVVIFMNGN	MAGE-B6[281-300]	2	4318	EKFKKAMTIGDVSLVQELLD	GASZ[48-67]
3	2996	KVVEFLAMLKNTVPITFPSS	MAGE-C1[1083-1102]	2	4319	KPHRIRMTHNLLLNYGLYRK	HDAC2[32-51]; HDAC1[31-50]
3	2997	AGREHFVYGEPRELLTKVWV	MAGE-C2[260-279]	2	4320	MASFRKLTLSEKVPPNHPSR	HOM-TES-85[1-20]
3	2998	IGCWYCRRRNGYRALMDKSL	MART1[43-62]	2	4321	PIRSSYFTFQLQNIVKPLPP	IL13RA2[222-241]
3	2999	AYTSVLYFNPWMRIFIQAKR	MORC1[239-258]	2	4322	YENDIASMNLQAHLIPGLNL	KOC1[351-370]
3	3000	LVALAIVYLIALAVCQCRRK	MUC-1[1170-1189]	2	4323	ATVLTNMAMQEPLRLNIQNH	KU-CT-1[419-438]
3	3001	GSYRKWMCFSESQVQPTQKQ	NA17-A[32-51]	2	4324	GAVLKDFTVSGNLLFMSVRD	Lage-1[120-139]
3	3002	SLVSVYNSYPYYPYLYCVGS	NKX3.1[209-228]	2	4325	AQFYNDFVNISSIGLTYFQS	LIPI[409-428]
3	3003	ESSYVFLHVCIQEFCAALFY	NLRP4[445-464]	2	4326	VSARVRFFFPSLREAALREE	MAGE-A1[286-305]
3	3004	AFREQYMGMSVPPHYQYIPH	NR6A1[209-228]	2	4327	ESVIRNYEDHFPLLFSEASE	MAGE-A10[162-181]
3	3005	HTPHKTLMPYASLFQSHSCK	NYD-TSPG[515-534]	2	4328	PDLESEFQAAISRKMVELVH	MAGE-A2[99-118]
3	3006	LQQLSLLMWITQCFLPVFLA	NY-ESO-1[153-172]	2	4329	VVGNWQYFFPVIFSKASSSL	MAGE-A3[139-158]
3	3007	CDLHPYPYCLCYSKRSRSCG	ODF1[47-66]	2	4330	VVGNWQYFFPVIFSKASDSL	MAGE-A6[139-158]
3	3008	RGPIMALYSSPGPKYLIPPT	ODF3[16-35]	2	4331	DGREHSVYWKLRKLLTQEWV	MAGE-A8[235-254]
3	3009	QCHAVLADSVHLAWDLSRSL	OIP5[82-101]	2	4332	AHAETSYEKVINYLVMLNAR	MAGE-A9[276-295]
3	3010	QEDRLYLVGNVCILRTQLLQ	PASD1[163-182]	2	4333	TEEEIWKFMNVLGAYDGEEH	MAGE-B1[216-235]
3	3011	GFTTSILQYENSIMLCTDVS	PIWIL1[251-270]	2	4334	TNKKKVSFSSPLILGATIQK	MAGE-B3[33-52]
3	3012	CIPFYNVVFRRVMKLLDMKL	PIWIL2[319-338]	2	4335	VAARRGTTAMTSAYSRATSS	MAGE-B4[321-340]
3	3013	NHVQPHAYQFTYRVTECGIR	PLAC1[64-83]	2	4336	PQILNRTSQHLVVAFGVELK	MAGE-B6[234-253]
3	3014	LQHLIGLSNLTHVLYPVPLE	PRAME[427-446]	2	4337	NPASSFFSSALLSIFQSSPE	MAGE-C1[130-149]
3	3015	CWTARIRAVGLLTVISKGCS	PSCA[39-58]	2	4338	SSASSTLYLVFSPSSFSTSS	MAGE-C2[40-59]
3	3016	SAGCVFYEIASLQPLFPGVN	RAGE-1[187-206]	2	4339	RSQAGMFIYSNNRLIKMHEK	MORC1[363-382]
3	3017	MAITQFRLFKFCTCLATVFS	RCAS1[1-20]	2	4340	YEQANLNMANSIKFSVWVSF	MPHOSPH1[256-275]
3	3018	PNNVLSTVQPVIIYLTATGI	SAGE1[312-331]	2	4341	PQKRSRAAFSHTQVIELERK	NKX3.1[123-142]
3	3019	CKALMRFIMVTSVISLILLV	SLCO6A1[451-470]	2	4342	GINNVSFSGQSVLLFEVLFY	NLRP4[673-692]
3	3020	RALELHPFSMKPLLRRAMAY	SPAG1[512-531]	2	4343	KRASQYSGQLKVLIAENTML	NY-BR-1[1103-1122]
3	3021	SAQKFSLILKILSMIYKLVQ	SPO11[107-126]	2	4344	WTLSRFFSYLRSWDVDDLLL	NYD-TSPG[322-341]
3	3022	TSEKINMISGVLQRYCRFGS	SSX-3[147-166]	2	4345	GDGPYSTFLTSSPIRSRSPP	ODF2[809-828]
3	3023	MGAPTLPPAWQPFLKDHRIS	Survivin[1-20]	2	4346	NDQESSQPVGSVIVQEPTEE	PAGE2[16-35]
3	3024	DKKTFYKTADISQMLVCTAD	TAF7L[167-186]	2	4347	MSARVRSRSRGRGDGQEAPD	PAGE4[1-20]
3	3025	LSNRLLLRLECNVVIIAHCN	TAG-2a[45-64]	2	4348	RGNDQESSQPVGPVIVQQPT	PAGE5[33-52]
3	3026	ECYQPYYLPGYRYLNSWRPS	TEKT5[34-53]	2	4349	NHPVRFLQAQPIVPVQRAAE	PASD1[599-618]
3	3027	YWTERFLEDTTLTITVPAVS	THEG[172-191]	2	4350	LVGRNFYDPTSAMVLQQHRL	PIWIL2[338-357]
3	3028	PYRLPALFELYPEFLLVFKE	TMEM31[84-103]	2	4351	TKFKQSRAMNFDFPFKKGSG	RAGE-1[227-246]
3	3029	DVKVQFFYSNLPTYYDNCSF	TPTE[475-494]	2	4352	QLEPDYFKDMTPTIRKTQKI	RCAS1[89-108]
3	3030	ICAGTIIASQWVLTVAHCLI	TSP50[137-156]	2	4353	KELEELRAAFTRALEYLKQE	SART3[440-459]
3	3031	LFVWMHYYVSMDALLGGSEI	TYR[175-194]	2	4354	NNNIEKMITAFEELRVQAEN	SCP-1[215-234]
3	3032	GCNKRYFKLSHLQMHSRKHT	WT1[329-348]	2	4355	METQQQEIASVRKSLQSMLF	SCP3a[217-236]

3	3033	VICKSCISQTPGINLDLGSG	XAGE-1c[117-136]	2	4356	EISILQEQISHLQFVIHSQH	se57-1[235-254]
3	3034	QILELLVLEQFLTILPGDLQ	ZNF165[87-106]	2	4357	KEEVAAVKIQAAFRGHIARE	SP17[113-132]
4	3035	HYRCSNHVYYAKRVLCSQPV	ACRBP[108-127]	2	4358	EKDPSLVYQHLLYLSKAERF	SPAG1[863-882]
4	3036	HVPSVLLADQLQMSLYASGL	ACTL8[123-142]	2	4359	NPLQMEEEEFMEIMVEIPAK	SPAN-Xc[78-97]
4	3037	CAIVTFMNKTLGTFSIAVAH	ADAM29[313-332]	2	4360	EKISYVYMKRNYKAMTKLGF	SSX-1[44-63]
4	3038	LNEELDFLVTSYEEIIECAD	CAGE1[697-716]	2	4361	EWEKMKASEKIFYVYMKRKY	SSX-2[36-55]
4	3039	MARALVQLWAICMLRVALAT	CALR3[1-20]	2	4362	EKIVYVYMKRKYEAMTKLGF	SSX-3[44-63]
4	3040	EVMYPHLMEGFLPFSNLVTH	CDCA1[72-91]	2	4363	VERPQMTFGSLQRIFPKIMP	SSX-4[94-113]
4	3041	RVYHSLCPISWVESWNEQIK	COX6B2[61-80]	2	4364	EKIIYVYMKRKYEAMTKLGF	SSX-5[44-63]
4	3042	SSDPTSWSSAIQSWYDEILD	CRISP2[101-120]	2	4365	EPRVEVLINRINEVQQAKKK	SYCE1[50-69]
4	3043	DSPSYQKRQRMALLARKQGA	CT45[23-42]	2	4366	NLTLKNHFQSVLEQLELQEK	TAF7L[424-443]
4	3044	VKRLLAVSVSCITYLRGIFP	CT46[30-49]	2	4367	WAERIMFSDLRSLQLKKTME	TDRD1[246-265]
4	3045	VISFVLFLFGGNNFIQNFYL	CTAGE1[12-31]	2	4368	TLQEIFQAENTIMLLERSIM	TEKT5[363-382]
4	3046	SHPYGFPWELVIRAAVAGFF	CTAGE2[5-24]	2	4369	TLVELQMMMETIQFIENKKR	TEX15[1689-1708]
4	3047	RPDSNLYGFPWELVICAAVV	cTAGE5[31-50]	2	4370	VTKKVVASPRIISLAKPKVR	THEG[326-345]
4	3048	SPPAPARRHLLVLLLLLSTL	DKKL1[5-24]	2	4371	VIMHSRYRAQRFWSWVGQAN	TSP50[186-205]
4	3049	SQDSGLVSLSSSSPISNKST	DMRT1[329-348]	2	4372	DEDEDMLSYMVSLEVGEEKH	TSPY1[175-194]
4	3050	TSAPGAMLASWARIAARAVQ	DPPA2[179-198]	2	4373	VAKKGKAVRRGRRGKKGAAT	VCX[38-57]
4	3051	ECVCENYKLAVNCFVNNNRQ	EpCAM[26-45]	2	4374	KKKNQQLKVGILHLGSRQKK	XAGE-1[5-24]; XAGE-1b[5-24]; XAGE-1d[5-24]; XAGE-1c[84-103]
4	3052	ESTVCLMSYERRQILHLITM	FAM46D[308-327]	2	4375	PRRSLQPPELIGAMLEPTDE	XAGE-2[13-32]
4	3053	SHYVAQTGILWLLMNNCFLN	GAGE-1[113-132]	2	4376	KSFKSPKLAKHAAVFSGDKT	ZNF165[324-343]
4	3054	LLKERDITLRHLLTMREDEF	GASZ[294-313]	3	4377	IKVKKLLFSKHLPVFTYTDQ	ADAM29[67-86]
4	3055	SHISPFSHSSHMLTTPTPMH	GATA-3[405-424]	3	4378	SGEKNIFLASFVHEYSRRHP	AFP[344-363]
4	3056	ATWPHSVHRLAQSYLKEPMI	HAGE[428-447]	3	4379	SEGIMTYANSVVSDMMVSIM	AKAP-3[282-301]
4	3057	NVARCWTYETAVALDCEIPN	HDAC2[308-327]	3	4380	DQVNIDYLMNRPQNLRLEMT	AKAP-4[161-180]
4	3058	NVARCWTYETSLLVEEAISE	HDAC3[302-321]	3	4381	RDKVLIRIMVSRSEVDMLKI	ANXA2[284-303]
4	3059	RQQSKAHRHRHRRGYSRCRS	HOM-TES-85[62-81]	3	4382	QARLMKEESPVVSWRLEPED	BAGE-1[16-35]; BAGE-5[16-35]; BAGE-2[16-35]; BAGE-3[16-35]
4	3060	APLLLLSLHGVAASLEVSES	IGFS11[9-28]	3	4383	QADIEVMSTVHISSVYNDVP	CABYR[282-301]
4	3061	LAIGCLYTFLISTTFGCTSS	IL13RA2[6-25]	3	4384	SRLEKLLTQVRNLQFMSENE	CAGE1[507-526]
4	3062	AVHKHALHDGLRQVAGPGAA	KAAG1[15-34]	3	4385	QTTQNGRFYAISARFKPFSN	CALR3[67-86]
4	3063	HVKKGIFYHRALLFKALADR	KU-CT-1[789-808]	3	4386	TVFGEKSVITLSSIFTKDLV	CCDC62[385-404]
4	3064	WREEGFPVGLKLAVLGIFII	LEMD1[147-166]	3	4387	GQKYEKIFEMLEGVQGPTAV	CT45[138-157]
4	3065	PEEVIWEALNMMGLYDGMEH	MAGE-A10[242-261]	3	4388	GNNFIQNFYLPQNYIDQFLL	CTAGE1[22-41]
4	3066	KIIDLVHLLLRKYRVKGLIT	MAGE-A11[225-244]	3	4389	TERLLKMKDWAAMLGEDITD	cTAGE5[268-287]
4	3067	PACYEFLWGPRALVETSYVK	MAGE-A12[266-285]	3	4390	SVKRGTMVRAARALLSAVTR	CTNNA2[117-136]
4	3068	DPIGHLYIFATCLGLSYDGL	MAGE-A3[170-189]	3	4391	RNGVIDYTIFFTLDSVKLPD	CXorf48[188-207]
4	3069	PACYEFLWGPRALIETSYVK	MAGE-A6[266-285]; MAGE-A2[266-285]	3	4392	VKRSLVYYLKNREVRLQNET	DCAF12[42-61]
4	3070	RVQAAAMLNDGSSAMGRKCS	MAGE-B3[317-336]	3	4393	PGQTLIYYVDEKAPEFSMQG	EpCAM[244-263]
4	3071	KCVRREYKPYFPQILNRTSQ	MAGE-B6[223-242]	3	4394	NRVAYMNPIAMARWRGPTQS	FAM133A[6-25]
4	3072	HSYTTAEEAAGIGILTVILG	MART1[19-38]	3	4395	KNLELKFVSSLRRQFEFSVD	FAM46D[155-174]
4	3073	GKGKICMIVNISQCYLAYDE	MPHOSPH1[446-465]	3	4396	GENQEHLVIAEMMELGSRSR	FATE1[26-45]
4	3074	WSDNKIFRDRFLYTFYFCCR	NLRP4[172-191]	3	4397	SPQFKKTMSTFHNLVSLNLN	FBXO39[213-232]
4	3075	RFTPVDFHYVRNRACFFVQD	NXF2[151-170]	3	4398	RPGSRSSNASLEVLSTEPGS	FSIP1[21-40]
4	3076	ILSVVAKLLSHGAVIEVHNK	NY-BR-1[95-114]	3	4399	DDVALENFFRYFLRLSDDKM	FTHL17[45-64]
4	3077	AEDWNLYWRTSSFRMTEHNS	NYD-TSPG[118-137]	3	4400	EKDHIFSSYTAFGDLEVFLH	GASZ[265-284]
4	3078	AADHRQLQLSISSCLQQLSL	NY-ESO-1[139-158]	3	4401	EQLLQSASMELKFLIIQNAA	Glypican-3[90-109]
4	3079	LGSKKYSYMNICKEFSLPPC	ODF1[161-180]	3	4402	TLIGANASFSIALNFPGSQK	gp100[76-95]
4	3080	ENGKVTFIFSTLMLFPINIW	ODF4[148-167]	3	4403	ATQRDLIATQRDLIVTQRDL	HOM-TES-85[261-280]
4	3081	GDGPDVREGIMPTFDLTKVL	PAGE2[85-104]	3	4404	WAIGLSVMDLVGSILKNLRR	LDHC[250-269]
4	3082	NEFPVVFSGLFSSHLCADFA	PASD1[139-158]	3	4405	SEELNIILQGNIILSTEKSK	LEMD1[67-86]
4	3083	ILTIPMHFWALFYPKRAMDQ	PIWIL2[598-617]	3	4406	RALAETSYVKVLEYVIKVSA	MAGE-A1[269-288]
4	3084	YVTSVLQYENSITLCADVSH	PIWIL3[267-286]	3	4407	DGMEHLIYGEPRKLLTQDWV	MAGE-A10[257-276]
4	3085	PAPCQYAHKLTFLVAQSIHK	PIWIL4[820-839]	3	4408	YAGREHFLFGEPKRLLTQNW	MAGE-A11[344-363]
4	3086	MVTVHPFMLNNDVCVHFHEL	PLAC1[36-55]	3	4409	PDLETSFQVALSRKMAELVH	MAGE-A12[99-118]
4	3087	EKEEQYIAQFTSQFLSLQCL	PRAME[279-298]	3	4410	PQGASSFSTTINYTLWRQSD	MAGE-A2[65-84]
4	3088	SILNKWWILTAAHCLYSEEL	PRSS55[96-115]	3	4411	ETSYVKVLEHVVRVNARVRI	MAGE-A4[281-300]; MAGE-A8[283-302]
4	3089	LQPAAAILALLPALGLLLWG	PSCA[91-110]	3	4412	EALDEKVAELVRFLLRKYQI	MAGE-A8[110-129]
4	3090	VDCTPLMYSLVHNLTKELKS	PSMA[464-483]	3	4413	NSDPPRYQFLWGPRAYAETT	MAGE-B1[262-281]
4	3091	ALICELMDMNIYELIRGRRY	RAGE-1[79-98]	3	4414	FPEILKKASEGLSVVFGLEL	MAGE-B2[149-168]
4	3092	FKFCTCLATVFSFLKRLICR	RCAS1[9-28]	3	4415	YDGKKHFIFGEPRKLITQDL	MAGE-B3[233-252]
4	3093	GDPSCVIMQNWARIEARLCN	SART3[468-487]	3	4416	SSSVLRDTASSSLAFGIPQE	MAGE-B4[42-61]
4	3094	LLVFIIFVRCNPVQFAGINE	SLCO6A1[468-487]	3	4417	ADIKKQAEIAHLYIASLPDP	MPHOSPH1[687-706]
4	3095	NKECAIYTNRALCYLKLCQF	SPAG1[654-673]	3	4418	ASPQETQSAFSIPVSTLSSS	NXF2[544-563]
4	3096	IRWSHTRIFQVPSEMTEDIM	SPATA19[117-136]	3	4419	HHIHEQIMEYIRKLSKNHQN	NY-BR-1[195-214]
4	3097	SWENIKFEDSVGLQMVSHCT	SPO11[77-96]	3	4420	STNRSMQNYVQFLKSSYANV	ODF2[788-807]
4	3098	AMTKLGFKVTLPPFMCNKQA	SSX-1[57-76]	3	4421	LGQDGRLLSSTLSLSSNRSL	ODF4[39-58]
4	3099	AMTKLGFKATLPPFMCNKRA	SSX-2[57-76]	3	4422	QAVPAFQGPDMEAFQQELAL	PAGE2[58-77]
4	3100	AMTKLGFKATLPPFMRNKRV	SSX-5[57-76]	3	4423	EDPKDRPSAAHIVEALETDV	PBK[303-322]

[0535]

[0536]

4	3101	KHSSGCAFLSVKKQFEELTL	Survivin[79-98]	3	4424	GWEEAYTFEGARYYINHNER	PEPP2[61-80]
4	3102	KAEELLAAAAQRHQQLQQKC	SYCE1[249-268]	3	4425	QKSIAGFVASTNAELTKWYS	PIWIL3[663-682]
4	3103	PASASLFQDTCAGCASLLHG	TAG-2a[74-93]	3	4426	YIPDLASRRLRIALLYSHSE	PIWIL4[130-149]
4	3104	WYRASVLAYASEESVLVGYV	TDRD1[558-577]	3	4427	DFKRANMDNDIALLLLASPI	PRSS55[147-166]
4	3105	LRPPTILPTLRSALFSRYSP	TEKT5[72-91]	3	4428	QSGAAVVHEIVRSFGTLKKE	PSMA[389-408]
4	3106	VEVKGCTAMIGCRLMSGILA	TEX101[180-199]	3	4429	KNPDFKVFRYSTSLEKHKLF	SART3[785-804]
4	3107	IYSFGFGKAMPWFQFYLTGA	TEX14[205-224]	3	4430	ASLEIELSNLKAELLSVKKQ	SCP-1[747-766]
4	3108	CGKGYAWISPCKMSLHFCLC	THEG[148-167]	3	4431	AKRKRLEMYTKASLKTSNQK	SCP3a[87-106]
4	3109	WPTEWIFNPYRLPALFELYP	TMEM31[76-95]	3	4432	DSEFFLTTASGVSVLPQNRS	SCRN1[268-287]
4	3110	LFIKHFIIYSIPRYVRDLKI	TPTE[414-433]	3	4433	MEDNSALYESTSAHIIEETE	se57-1[16-35]
4	3111	NGQALALPAPSRTLLLALPL	TSP50[358-377]	3	4434	SEPHIKRPMNAFMVWAKDER	SOX-6[617-636]
4	3112	LLGAAMVGAVLTALLAGLVS	TYR[478-497]	3	4435	SSEEDKEKEEVAAVKIQAAF	SP17[106-125]
4	3113	EEQCLSAFTVHFSGQFTGTA	WT1[85-104]	3	4436	REEAQKMSSLLPTMWLGAQN	SPAG9[959-978]
4	3114	WKVICKSCISQTPGINLDLG	XAGE-1[36-55]; XAGE-1b[36-55]	3	4437	ESSTILVVRYRRNVKRTSPE	SPAN-Xc[46-65]
4	3115	LHLGSRQKKIRIQLRSQCAT	XAGE-1c[95-114]	3	4438	KGVGLPFLPITSSDIDVVES	SPATA19[14-33]
4	3116	CEGGTDVKGKILPKAEHFKM	XAGE-2[82-101]	3	4439	WKKMKYSEKISYVYMKRNYK	SSX-1[37-56]
4	3117	SECGKTFRVSSHLIRHFRIH	ZNF165[431-450]	3	4440	EKIFYVYMKRKYEAMTKLGF	SSX-2[44-63]
5	3118	PTEYERFFALLTPTWKAETT	ACRBP[40-59]	3	4441	EWEKMKSSEKIVYVYMKLNY	SSX-4[36-55]
5	3119	KMLEILFELLHVPSVLLADQ	ACTL8[113-132]	3	4442	EWEKMKASEKIIYVYMKRKY	SSX-5[36-55]
5	3120	ESLAVILAQLLSLSMGITYD	ADAM2[305-324]	3	4443	KNKQRQLRLAFEEQLEDLMG	SYCE1[148-167]
5	3121	NITPRMQHDTSHLFTTLGLR	ADAM29[276-295]	3	4444	GADAQYFVYSNESVRPYTPF	TAG-1[765-784]
5	3122	EPTAFRISVTSSCFVQNTLT	BAGE-2[69-88]	3	4445	GDFYVQLYSSEVLEYMNQLS	TDRD1[277-296]
5	3123	EPTPFRISVTSSCFVQNTLT	BAGE-3[69-88]	3	4446	LSQFWEFSETTASTVSTTLH	TEX101[120-139]
5	3124	PSQNQIRNCYQNFLDYHRCL	COX6B2[24-43]	3	4447	KSDIYSFSMIMQEILTDDIP	TEX14[436-455]
5	3125	MALLPVLFLVTVLLPSLPAE	CRISP2[1-20]	3	4448	LKKSKYFISTYIDFVPYIAS	TEX15[2172-2191]
5	3126	TQLVKWMLGCYDALQKKYLR	CT46[76-95]	3	4449	DQVDWSRLLRDAGLVKMSRK	TRAG-3[52-71]
5	3127	MVHSLLHRLSHNDHILIENR	CT47[126-145]	3	4450	MANERISMQNLEALLVANRD	TSGA10[557-576]
5	3128	LTSFPTFTSVGVLIVLVLCS	CTAGE1[41-60]	3	4451	LVNITEYRASHSTPIEWYPD	TSPY1[221-240]
5	3129	RYCSAVFHERYALIQHQKTH	CTCFL[461-480]	3	4452	AVRRGRRGKKGAATKMAAVT	VCX[44-63]
5	3130	AKNLMNAVVLTVKASYVAST	CTNNA2[869-888]	3	4453	QLKVGILHLGSRQKKIRIQL	XAGE-1d[10-29]; XAGE-1[10-29]; XAGE-1b[10-29]; XAGE-1c[89-108]
5	3131	VMVESIQFCFIWRAISITPV	CXorf48[220-239]	3	4454	TPDQKREDDQGAAEIQVPDL	XAGE-2[47-66]
5	3132	MSEVEAAAGATAVPAATVPA	DBPC[1-20]	4	4455	EVRAGAFEHLPSLRQLDLSH	5T4[132-151]
5	3133	HAMSSQYRMHSYYPPPSYLG	DMRT1[282-301]	4	4456	PHNFRVYSYSGTGIMKPLDQ	ADAM2[67-86]
5	3134	AVVAGIVVLVISRKKRMAKY	EpCAM[278-297]	4	4457	QKLGEYYLQNAFLVAYTKKA	AFP[420-439]
5	3135	AARACFALLWGCALAAAAAA	EPHA2[5-24]	4	4458	DLRSVFFNFIRNLLSETIFK	AKAP-3[589-608]
5	3136	GSVASYILASHNGISYKDLD	FAM46D[65-84]	4	4459	LDSQKMDMSNIVLMLIQKLL	AKAP-4[619-638]
5	3137	EQGATWRHRETLIIAVLVSA	FATE1[153-172]	4	4460	QNKPLYFADRLYDSMKGKGT	ANXA2[264-283]
5	3138	SCRKLFYFKIWAFLDVSFVE	FBXO39[364-383]	4	4461	TALDVHFVSTLEPLSNAVKR	BAGE-2[37-56]; BAGE-3[37-56]
5	3139	LEALLNFFFPTTCNLRENQV	FMR1NB[122-141]	4	4462	SEILKEMLAKKHFSYAWPFY	BRDT[277-296]
5	3140	AAINSHITLELYTSYLYLSM	FTHL17[19-38]	4	4463	AYFQELTMYRGNTTMDIKDL	CABYR[39-58]
5	3141	GPVTAQVVLQAAIPLTSCGS	gp100[284-303]	4	4464	NSPTSLLIYKDAPAFNEKAS	CCDC62[600-619]
5	3142	NVARCWTYETAVALDTEIPN	HDAC1[307-326]	4	4465	EEGNEAANFDLAVVARRYPA	CT47[97-116]
5	3143	ASGFCYVNDIVIGILELLKY	HDAC3[141-160]	4	4466	SEAVELQDMSLLSIQQQEGV	CTCFL[89-108]
5	3144	KPGIGVLLDTNYNLFYWYEG	IL13RA2[158-177]	4	4467	SSDSSMLDSATSLIQAAKNL	CTNNA2[853-872]
5	3145	LDLLKSEYPVIQLLALKTLG	KU-CT-1[197-216]	4	4468	SNSIYFSIAIVSEDFVPYKG	CXorf48[129-148]
5	3146	AQGDGCRGVAFNVMFSAPHI	Lage-1[191-210]	4	4469	PHSIARQKRILVNLSMVENK	CXorf61[71-90]
5	3147	CTYKIQRLMLKSLTYPERPP	LIPI[436-455]	4	4470	DTKEDVFVHQTAIKRNNPRK	DBPC[114-133]
5	3148	GLVCVQAATSSSSPLVLGTL	MAGE-A1[24-43]	4	4471	GSEWSVYAVGSQAHVSFLDP	DCAF12[305-324]
5	3149	AAISRKMVELVHFLLLKYRA	MAGE-A2[107-126]	4	4472	GIMGQFSHHNIIRLEGVISK	EPHA2[665-684]
5	3150	KTGLLIIVLGTIAMEGDSAS	MAGE-A4[199-218]	4	4473	RGPTQSVGPTIQDYLNRPRP	FAM133A[20-39]
5	3151	GGASSSISVYYTLWSQFDEG	MAGE-A9[63-82]	4	4474	SAKRVWNMTATRPKKMGSQL	FATE1[63-82]
5	3152	SWDFPRRKLLMPLLGVIFLN	MAGE-B2[195-214]	4	4475	WRNSIRSSFISSLSFFLKKM	FBXO39[141-160]
5	3153	PGLYPHLYEDALIDEVERAL	MAGE-B6[384-403]	4	4476	RESLKMRVSKPFGMLMLSIW	FMR1NB[58-77]
5	3154	GIGILTVILGVLLLIGCWYC	MART1[29-48]	4	4477	EEEDTFSSVFHTQIPPEEYE	FSIP1[191-210]
5	3155	NSYPYYPYLYCVGSWSPAFW	NKX3.1[215-234]	4	4478	LSMAFYFNRDDVALENFFRY	FTHL17[36-55]
5	3156	AIFYCLFEMQDPAFVKQAVN	NLRP4[552-571]	4	4479	SMELKFLIIQNAAVFQEAFE	Glypican-3[97-116]
5	3157	KDYTCLLSSTWQELILLSSL	NR6A1[314-333]	4	4480	AHSSSAFTITDQVPFSVSVS	gp100[201-220]
5	3158	IDIILNRRNCMAATLKIIER	NXF2[248-267]	4	4481	GAGKGKYYAVNYPLRDGIDD	HDAC1[215-234]
5	3159	MYGTSLYQFIPLTFVMPNDY	NYD-TSPG[169-188]	4	4482	RGHYERILNPYNLFLSGDSL	JARID1B[172-191]
5	3160	KRELAKLRRTTNRILASSCC	ODF1[102-121]	4	4483	QHIKQLSRFAGASIKIAPAE	KOC1[426-445]
5	3161	SSPGPKYLIPPTTGFMKHTP	ODF3[24-43]	4	4484	AELVRRILSRDAAPLPRPGA	Lage-1[102-121]
5	3162	THSFRWMAQVLASELSLVAF	ODF4[73-92]	4	4485	NLDSARFRYLIGEKLGVHPT	LDHC[164-183]
5	3163	LRGHFCLSSDKMVCYLLKTK	OIP5[158-177]	4	4486	PDKTMMDGSFSFKLLNQLGM	LIPI[367-386]
5	3164	GNVCILRTQLLQQLYTSKAV	PASD1[171-190]	4	4487	FPEIFGKASESLQLVFGIDV	MAGE-A1[140-159]
5	3165	LWKKRWFVLSDLCLFYYRDE	PEPP2[186-205]	4	4488	QDFFPVIFSKASEYLQLVFG	MAGE-A2[144-163]
5	3166	VTGNVTAFDGSILYLPVKLQ	PIWIL2[267-286]	4	4489	NKVDELAHFLLRKYRAKELV	MAGE-A4[112-131]
5	3167	RELPLLNAMPLHSWLILYSR	PIWIL3[497-516]	4	4490	TTEEQEAVSSSSPLVPGTLG	MAGE-A5[32-51]
5	3168	DVSYKVLRNETVLEFMTALC	PIWIL4[262-281]	4	4491	EEQKAASSSSTLIMGTLEEV	MAGE-A8[34-53]
5	3169	GTPSKFVIPVSCAAPQKSPW	PLAC1[104-123]	4	4492	VIKNYKRYFPVIFGKASEFM	MAGE-A9[138-157]
5	3170	RAVGLLTVISKGCSLNCVDD	PSCA[45-64]	4	4493	DNPSGHTYTLVSKLNLTNDG	MAGE-B1[168-187]
5	3171	PSNALSTVLPGLAYLATADM	SAGE1[359-378]	4	4494	PLTRKSGSLVQFLLYKYKIK	MAGE-B2[110-129]

[0537]

5	3172	GNAKYANMWLEYYNLERAHG	SART3[503-522]	4	4495	SLTRKTKMLVQFLLYKYKMK	MAGE-B4[108-127]
5	3173	VPDKLRSLALGVSYVILRIF	SLCO6A1[607-626]	4	4496	PVSPSFSSTLVSLFQSSPER	MAGE-C1[271-290]
5	3174	MSIPFSNTHYRIPQGFGNLL	SP17[1-20]	4	4497	VFSPSSFSTSSSLILGGPEE	MAGE-C2[49-68]
5	3175	IEQVRRSISRLTDVSAQDFS	SPATA19[140-159]	4	4498	DDPQKFAMELSIIYKYSPFK	MORC1[159-178]
5	3176	MCIYKYGSMSMSFEAHHLTV	SPO11[286-305]	4	4499	STEKNAVSMTSSVLSSHSPG	MUC-1[48-67]
5	3177	EHAWTHRLRERKQLVIYEEI	SSX-2[161-180]	4	4500	VQPTQKQQKHRLFHWQANSE	NA17-A[45-64]
5	3178	HKDLWDFHMPERLAKEICAL	SYCE1[169-188]	4	4501	IWFQNRRYKTKRKQLSSELG	NKX3.1[170-189]
5	3179	PDEVENQFILRLPLEHACTV	TAF7L[95-114]	4	4502	MKAINFLNQDIRGLTSASQL	NR6A1[392-411]
5	3180	AQDAGVYQCLASNPVGTVVS	TAG-1[103-122]	4	4503	EDSERLMEQQGALLKRLAEA	ODF2[281-300]
5	3181	CNLEPLVSRDPPASASLFQD	TAG-2a[63-82]	4	4504	EKSTKYVFDSAPSHSISART	ODF3[109-128]
5	3182	TIQANVLEIISPNLFYALPK	TDRD1[941-960]	4	4505	SRVTNNVVLEAPFLVGIEGS	OIP5[107-126]
5	3183	EEAITIVQHSSPPGLIVTSY	TEX101[86-105]	4	4506	VYQKRLMDEAKILKSLHHPN	PBK[77-96]
5	3184	LLKAGVISAQNIYSFGFGKA	TEX14[194-213]	4	4507	PTPESSTIASYVTLRKTKKM	PEPP2[856-875]
5	3185	TSSDRTINLLEVLPWPTEWI	TMEM31[62-81]	4	4508	QWALYQYHIDYNPLMEARRL	PIWIL1[126-145]
5	3186	YDNCSFYFWLHTSFIENNRL	TPTE[489-508]	4	4509	RQFVEFTIKEAARFKKVVLI	SAGE1[860-879]
5	3187	VQELRRQNYSSNAYHMSSTM	TSGA10[645-664]	4	4510	DKKTQTFLLETPEIYWKLDS	SCP-1[793-812]
5	3188	ECDNFYHNFTKIPTLVQIIK	TSP50[272-291]	4	4511	QNEFKKEMAMLQKKIMMETQ	SCP3a[201-220]
5	3189	ECMTWNQMNLGATLKGVAAG	WT1[234-253]	4	4512	RSIFKPFIFVDDVKLVPKTQ	SCRN1[302-321]
5	3190	NECGKAFRHSSKLARHQRIH	ZNF165[347-366]	4	4513	LQFVIHSQHQNLRSVIQEME	se57-1[246-265]
6	3191	LYGGLHMDFWCARLATKGCE	ACRBP[433-452]	4	4514	GSSLDILSSLNSPALFGDQD	SOX-6[475-494]
6	3192	VVDSGYGLTRVQPFHQGRPL	ACTL8[147-166]	4	4515	GSKVEDRFYNNHAFEEQEPP	SP17[61-80]
6	3193	KTSYLVLRPHDVAFLLVYRE	ADAM2[254-273]	4	4516	RDAVKFFVAVPGQVISPQSS	SPAG9[1223-1242]
6	3194	FTTLGLRGLSGIGAFRGMCT	ADAM29[289-308]	4	4517	TILVVRYRRNVKRTSPEELL	SPAN-Xc[49-68]
6	3195	ISLADLATIFFAQFVQEATY	AFP[41-60]	4	4518	EWEKMKVSEKIVYVYMKRKY	SSX-3[36-55]
6	3196	FLNLVQCIQNKPLYFADRLY	ANXA2[256-275]	4	4519	TFGSLQRIFPKIMPKKPAEE	SSX-4[100-119]
6	3197	ALQIVYGIRLEHFYMMPVNS	CDCA1[52-71]	4	4520	QRQKDLIMKVENLTLKNHFQ	TAF7L[413-432]
6	3198	KSPNAVVGHYTQLVWYSTYQ	CRISP2[128-147]	4	4521	AEDTRLFAPSIKARFPAETY	TAG-1[231-250]
6	3199	DKTEKVAVDPETVFKRPREC	CT45[3-22]	4	4522	YIEIVMVSETIHFLKNSIAK	TEX15[2062-2081]
6	3200	NFYLPQNYIDQFLLTSFPTF	CTAGE1[28-47]	4	4523	MWMGLIQLVEGVKRKDQGFL	TRAG-3[1-20]
6	3201	PQRQDRFYSNCARLSGPAEL	CTAGE2[590-609]	4	4524	LNAERSYKSQISTLHKSVVK	TSGA10[470-489]
6	3202	AAVVGFFAVLFFLWRSFRSV	cTAGE5[47-66]	4	4525	GEEAVLLLDDIMAEVEVVAE	TSPY1[60-79]
6	3203	CHLCLKTFRTVTLLRNHVNT	CTCFL[287-306]	5	4526	NSLVSLTYVSFRNLTHLESL	5T4[244-263]
6	3204	VFWKYRRFQRNTGEMSSNST	CXorf61[17-36]	5	4527	NFGTRTFQAITVTKLSQKFT	AFP[229-248]
6	3205	VSRVPVYAHITHKALKDIPK	DCAF12[226-245]	5	4528	SVVSDMMVSIMKTLKIQVKD	AKAP-3[291-310]
6	3206	CPDCAKRNKKMMKRLMTVEK	DPPA2[279-298]	5	4529	SDLQKYALGFQHALSPSTST	AKAP-4[116-135]
6	3207	DVWSFGIVMWEVMTYGERPY	EPHA2[799-818]	5	4530	RKYGKSLYYYIQQDTKGDYQ	ANXA2[309-328]
6	3208	IKNLERYMCSRFFIDFPHIE	FAM46D[255-274]	5	4531	LKDLWKHSFSWPFQRPVDAV	BRDT[40-59]
6	3209	SMRPTLIDLLPTFRHTLQKL	FBXO39[324-343]	5	4532	DQSDVLMVDVATSMPVVIKE	CABYR[189-208]
6	3210	SSGTTSFKCFAPFRDVPKQM	FMR1NB[165-184]	5	4533	KITKQQVFIDVINKLKENVE	CAGE1[343-362]
6	3211	DPNVACRRLMTPIMYAARDG	GASZ[141-160]	5	4534	FSNKGKTLVIQYTVKHEQKM	CALR3[84-103]
6	3212	ADQPRWVSHHHPAVLNGQHP	GATA-3[5-24]	5	4535	ELHKRTEIIRSLTKKVKALE	CCDC62[78-97]
6	3213	HSPLKLLTSMAISVVCFFFL	Glypican-3[559-578]	5	4536	AKRTSRFLSGIINFIHFREA	CDCA1[114-133]
6	3214	SSGTLISRALVVTHTYLEPG	gp100[265-284]	5	4537	AGDSLIAGSAMSKAKKLMTG	CT45[42-61]
6	3215	MSKVMEMFQPSAVVLQCGSD	HDAC1[245-264]	5	4538	PSSETRAFLSPPTLLEGPLR	cTAGE5[527-546]
6	3216	GVEEAFYTTDRVMTVSFHKY	HDAC2[183-202]; HDAC1[182-201]	5	4539	DLSRDILNNFPHSIARQKRI	CXorf61[61-80]
6	3217	GVQEAFYLTDRVMTVSFHKY	HDAC3[176-195]	5	4540	EVRLQNETSYSRVLHGYAAQ	DCAF12[54-73]
6	3218	PPHTHSYTISHATLERIGAV	IGFS11[398-417]	5	4541	GLTGLQSLLQGFSRLFLKGN	DKKL1[44-63]
6	3219	FQLQNIVKPLPPVYLTFTRE	IL13RA2[230-249]	5	4542	VDDEESVILTLVPVKDDANM	DPPA2[18-37]
6	3220	SETETVHLFIPALSVGAIIG	KOC1[403-422]	5	4543	KQLENKKTGSKALAEFEEKM	FAM133A[46-65]
6	3221	HEFASLCLANMSAEYTSKVQ	KU-CT-1[126-145]	5	4544	PVFPQLSRSIISKLLNESET	FSIP1[439-458]
6	3222	GTYPFCTYYFVLSIIVPDKT	LIPI[351-370]	5	4545	GWEIGYLDRTSQKLKRLLPI	GASZ[24-43]
6	3223	CILESLFRAVITKKVADLVG	MAGE-A1[92-111]	5	4546	FPKNSSFNPAALSRHMSSLS	GATA-3[386-405]
6	3224	EKVTDLVQFLLFKYQMKEPI	MAGE-A10[136-155]	5	4547	KHINQLLRTMSMPKGRVLDK	Glypican-3[467-486]
6	3225	EVVEVVRIGHLYILVTCLGL	MAGE-A12[165-184]	5	4548	DRQTVMTSATWPHSVHRLAQ	HAGE[420-439]
6	3226	SRKVAELVHFLLLKYRAREP	MAGE-A3[110-129]	5	4549	GAGKGKYYAVNFPMRDGIDD	HDAC2[216-235]
6	3227	EFLWGPRALAETSYVKVLEH	MAGE-A4[271-290]; MAGE-A8[273-292]	5	4550	PNHPSRKKVNFLDMSLDDII	HOM-TES-85[15-34]
6	3228	GLDTQEEALGLVGVQAATTE	MAGE-A5[15-34]	5	4551	SSDNNTLTSSNAYNSRYWSN	IGFS11[305-324]
6	3229	EALKLKVAELVHFLLHKYRV	MAGE-A9[106-125]	5	4552	TLDDLYPMMNALKLRAESYN	JARID1B[737-756]
6	3230	EVNPTTHSYILVSMLGPNDG	MAGE-B4[168-187]	5	4553	EAQDIKFTEEIPLKILAHNN	KOC1[267-286]
6	3231	DPDDSYVFVNTLDLTSEGCL	MAGE-C1[969-988]	5	4554	TSGKDYSVSANSRIVIVTAG	LDHC[78-97]
6	3232	EKNCEPVVPNAPPAYEKLSA	MART1[90-109]	5	4555	PSKGRRWAARAPSTRITYGT	LEMD1[111-130]
6	3233	IELERKFSHQKYLSAPERAH	NKX3.1[137-156]	5	4556	DDTTAMASASSSATGSFSYP	MAGE-A10[349-368]
6	3234	LIEDGYAVTQAELFALLCRL	NR6A1[271-290]	5	4557	EEQEAAFFSSTLNVGTLEEL	MAGE-A11[144-163]
6	3235	LKPLVFRVDETTPAVVQSVL	NYD-TSPG[84-103]	5	4558	DGREDSVFAHPRKLLTQDLV	MAGE-A12[232-251]
6	3236	NILTIRLTAADHRQLQLSIS	NY-ESO-1[131-150]	5	4559	PDLESEFQAALSRKVAELVH	MAGE-A3[99-118]
6	3237	VDRELRQLRCIDEFSTRCLC	ODF1[18-37]	5	4560	AIPTAIDFTLWRQSIKGSSN	MAGE-A5[70-89]
6	3238	YDKKIDSLMNAVGCLKSEVK	ODF2[123-142]	5	4561	FPVIFSKASDSLQLVFGIEL	MAGE-A6[147-166]
6	3239	DSTPGPAAYMLPMVMGPNTV	ODF3[134-153]	5	4562	RTTATTFRARSRAPFSRSSH	MAGE-B1[326-345]
6	3240	SIPIGWSYFIGWLVLILYFT	ODF4[176-195]	5	4563	TVPSAFQFWYEEALRDEEER	MAGE-B3[298-317]
6	3241	QVTLQLLDGFMITLSTDGVI	PASD1[35-54]	5	4564	NSDPPRYQFLWGPRAHAETS	MAGE-B4[262-281]
6	3242	PICNDHYRSVYQKRLMDEAK	PBK[68-87]	5	4565	ISRYTGYFPVIFRKAREFIE	MAGE-C1[939-958]
6	3243	PDHIQRLTYKLCHIYYNWPG	PIWIL1[805-824]	5	4566	DSESSFTYTLDEKVAELVEF	MAGE-C2[132-151]
6	3244	KYTRPTLQMGMSCLLVFKVI	PIWIL3[561-580]	5	4567	STTHSFLFGALAELLDNARD	MORC1[22-41]
6	3245	LDQLLRHVMNPLETLSITNC	PRAME[313-332]	5	4568	SSKKTYSLRSQASIIGVNLA	MPHOSPH1[1703-1722]

[0538]

6	3246	NCVDDSQDYYVGKKNITCCD	PSCA[60-79]	5	4569	LQRDISEMFLQIYKQGGFLG	MUC-1[1069-1088]
6	3247	YELVEKFYDPMFKYHLTVAQ	PSMA[559-578]	5	4570	HRLFHWQANSERADIPASLR	NA17-A[54-73]
6	3248	SRTDKVLSTAPPQLVHMAAA	SAGE1[122-141]	5	4571	EKNEEIFNYNNHLKNRIYQY	NY-BR-1[1312-1331]
6	3249	GKKHRYLRLLPEALIRFGGF	SLCO6A1[45-64]	5	4572	AMPFATPMEAELARRSLAQD	NY-ESO-1[93-112]
6	3250	TTGTGVVYPGAITMATTPS	SOX-6[736-755]	5	4573	LELEIIVLNDRVTDLVNQQQ	ODF2[458-477]
6	3251	AEAAGKYSAAIALLEPAGSE	SPAG1[462-481]	5	4574	IILKVALNMARGLKYLHQEK	PBK[142-161]
6	3252	NILDSFTVCNSHVLCIASVP	SPAG9[780-799]	5	4575	VTPAMGMQMRKAIMIEVDDR	PIWIL1[518-537]
6	3253	RLRERKQLVIYEEISDPEED	SSX-2[167-186]	5	4576	ETFKAVLDGLDVLLAQEVRP	PRAME[95-114]
6	3254	PPAWQPFLKDHRISTFKNWP	Survivin[7-26]	5	4577	KNSVKTDLMKAPMVIMDWEE	PRSS55[202-221]
6	3255	QECKERISALNLQIEEEKNK	SYCE1[131-150]	5	4578	STNEVTRIYNVIGTLRGAVE	PSMA[348-367]
6	3256	REEKCVWKHGITPPLKNVRK	TAF7L[212-231]	5	4579	VVRLSSYSSPTLQSVLGSGT	RAGE-1[357-376]
6	3257	RLLLRLECNVVIIAHCNLEP	TAG-2a[48-67]	5	4580	MTPTIRKTQKIVIKKREPLN	RCAS1[98-117]
6	3258	TSGLELYCQKGLSMTVEADP	TEX101[21-40]	5	4581	HDLEIQLTAITTSEQYYSKE	SCP-1[479-498]
6	3259	IVHLLLQISDALRYLHFQGF	TEX14[353-372]	5	4582	KILQQSRIVQSQRLKTIKQL	SCP3a[159-178]
6	3260	TISFFLCQMLYNRRKILQLK	TEX15[2250-2269]	5	4583	RRHELYKAHEWARAIIESDQ	SCRN1[343-362]
6	3261	FYKFFLPTILSLSFFILLVL	TMEM31[135-154]	5	4584	IEETEYVKKIRTTLQKIRTQ	se57-1[31-50]
6	3262	YIPLEYRSISLAIALFFLMD	TPTE[121-140]	5	4585	IGEYKQLMRSRRQEMRQFFT	SOX-6[707-726]
6	3263	FYHKTNIKMRCEFLACWPAF	TRAG-3[24-43]	5	4586	SMKPLLRRAMAYETLEQYGK	SPAG1[520-539]
6	3264	TRELCIKLDSSKELLNRQLV	TSGA10[511-530]	5	4587	EDGRVQAFGWSLPQKYKQVT	SPAG9[639-658]
6	3265	GEPLVCSMEGTWYLVGLVSW	TSP50[311-330]	5	4588	HRLRERKQLVIYEEISDPEE	SSX-1[166-185]
6	3266	LDRRGAVIQSVPGFWANVIA	TSPY1[145-164]	5	4589	AMTKLGFKAILPSFMRNKRV	SSX-3[57-76]
6	3267	LCGAQYRIHTHGVFRGIQDV	WT1[281-300]	5	4590	GKHAWTHRLRERKQLVVYEE	SSX-4[160-179]
6	3268	MRCHAHGPSCLVTAITREEG	XAGE-1c[1-20]	5	4591	ATLPPFMRNKRVADFQGNDF	SSX-5[65-84]
7	3269	YVRNLFLTGNQLAVLPAGAF	5T4[92-111]	5	4592	TNNKKKEFEETAKKVRRAIE	Survivin[117-136]
7	3270	NPGSLLQLPHTEALLVLCYS	ACRBP[312-331]	5	4593	DQMWRQFTDTNLAFNARISE	TEKT5[329-348]
7	3271	QLQMSLYASGLLTGVVVDSG	ACTL8[132-151]	5	4594	VTELEYNYNQFSTLLKNVMS	TEX15[2198-2217]
7	3272	DRKVICFVDVSTLNVEDKDY	AKAP-4[38-57]	5	4595	MPMSEVSQVSRAAQMAVPSS	THEG[247-266]
7	3273	EPLSNAVKRNVPRCIIILVL	BAGE-2[48-67]; BAGE-3[48-67]	5	4596	DAGLVKMSRKPRASSPLSNN	TRAG-3[62-81]
7	3274	ISISSLRQFETVCKFHWVEA	CAGE1[113-132]	5	4597	FWANVIANHPQMSALITDED	TSPY1[158-177]
7	3275	THLYTLILRPDLSYDVKIDG	CALR3[169-188]	5	4598	ADASQSSMHNALHIYMNGTM	TYR[355-374]
7	3276	SSAIQSWYDEILDFVYGVGP	CRISP2[108-127]	5	4599	WRGRSTYRPRPRRSLQPPEL	XAGE-2[3-22]
7	3277	HILIENRQLSRLMVGPHAAA	CT47[139-158]	6	4600	FSGSNASVSAPSPLVELILN	5T4[162-181]
7	3278	LIVLVLCSAFLLLWQGEGVN	CTAGE1[53-72]	6	4601	NRNVNFAMKSETKLREKMYS	AKAP-3[417-436]
7	3279	IGCVTSINEDNIYISNSIYF	CXorf48[115-134]	6	4602	SKGLMVYANQVASDMMVSLM	AKAP-4[330-349]
7	3280	NPNSLAIYRLPTLDPVCVGD	DCAF12[161-180]	6	4603	VGTIDMTLQSDIMTMFENNF	BRDT[927-946]
7	3281	VSVEAFLMQASGVRWCVVHG	DPPA2[209-228]	6	4604	SKPRLVVPYGLKTLLEGISR	CABYR[4-23]
7	3282	NTVICSKLAAKCLVMKAEMN	EpCAM[55-74]	6	4605	NNIENYSTNALIQPVDTISI	CAGE1[96-115]
7	3283	VCRKWNQMMYSAELWRYRTI	FBXO39[42-61]	6	4606	ESGSIEYDWNLTSLKKETSP	CALR3[192-211]
7	3284	RNRRSHRAMRVAHLELATYE	FMR1NB[11-30]	6	4607	DKELNDMVAVHQQQLLSWEE	CCDC62[41-60]
7	3285	NKHHEIFNLLSFTLNPLEGK	GASZ[225-244]	6	4608	VGEVSTPFHIFKVKVTTERE	CT46[212-231]
7	3286	ACGLYHKMNGQNRPLIKPKR	GATA-3[287-306]	6	4609	LGEEEGEQAAGLAAVPRGGS	CT47[61-80]
7	3287	VNGMYRIYDMENVLLGLFST	Glypican-3[307-326]	6	4610	RGSQKKHISPVQALSEFKAM	CTNNA2[931-950]
7	3288	LSIGTGRAMLGTHTMEVTVY	gp100[170-189]	6	4611	IDESIYFSSDVVTGNVPLKV	CXorf48[53-72]
7	3289	TEEEKWSHMQTFLQSMSSTD	HAGE[469-488]	6	4612	HQTAIKRNNPRKFLRSVGDG	DBPC[122-141]
7	3290	AILELLKYHQRVLYIDIDIH	HDAC1[159-178]; HDAC2[160-179]	6	4613	SRLSPRKTHLLYILRPSRQL	DKKL1[223-242]
7	3291	ALSSGLYQCVASNAIGTSTC	IGFS11[207-226]	6	4614	QSVPQFFTFEDAPSYPEARA	DMRT1[302-321]
7	3292	NIPPHLQWEVLDSLLVQYGV	KOC1[87-106]	6	4615	QKEITTRYQLDPKFITSILY	EpCAM[167-186]
7	3293	PCGARRPDSRLLQLHITMPF	Lage-1[77-96]	6	4616	EFNVLEMEVMRRQLYAVNRR	FATE1[128-147]
7	3294	IPAIVHYSPDCKILVVSNPV	LDHC[121-140]	6	4617	KRPSFLDDPLYGISVSLSSE	FSIP1[533-552]
7	3295	YEKKLVQLLVSPPCAPPVMN	LEMD1[34-53]	6	4618	KNVNQSLLDLYQLAVEKGDP	FTHL17[109-128]
7	3296	AVITKKVADLVGFLLLKYRA	MAGE-A1[100-119]	6	4619	MSSTDKVIVFVSRKAVADHL	HAGE[484-503]
7	3297	LGSVIRNFQDFFPVIFSKAS	MAGE-A12[136-155]	6	4620	GDLVDTQSDLIATQRDLIAT	HOM-TES-85[236-255]
7	3298	GIEVVEVVPISHLYILVTCL	MAGE-A2[163-182]	6	4621	PYSAVEKAMARLQELLTVSE	JARID1B[950-969]
7	3299	ASNTYTLVTCLGLSYDGLLG	MAGE-A4[173-192]	6	4622	ITMPFSSPMEAELVRRILSR	Lage-1[92-111]
7	3300	AGSPGPLKSPQGASAIPTAI	MAGE-A5[56-75]	6	4623	LKGEMMDLQHGSLFFSTSKI	LDHC[58-77]
7	3301	DPIGHVYIFATCLGLSYDGL	MAGE-A6[170-189]	6	4624	LQGNIILSTEKSKKLKKWPE	LEMD1[74-93]
7	3302	KVINYLVMLNAREPICYPSL	MAGE-A9[284-303]	6	4625	EESFSPTAMDAIFGSLSDEG	MAGE-A11[177-196]
7	3303	PQRAPTTAAAAAAGVSSTKS	MAGE-B2[62-81]	6	4626	PDLESEFQAALSRKVAKLVH	MAGE-A6[99-118]
7	3304	FLGLLGIYDGILHSIYGDAR	MAGE-B6[310-329]	6	4627	VRVNARVRISYPSLHEEALG	MAGE-A8[294-313]
7	3305	LKRAREFMELLFGLALIEVG	MAGE-C2[182-201]	6	4628	MHFILRKYKMREPIMKADML	MAGE-B1[116-135]
7	3306	TTAEEAAGIGILTVILGVLL	MART1[22-41]	6	4629	KIVGKRFREHFPEILKKASE	MAGE-B2[139-158]
7	3307	LRLDFIHANSTTHSFLFGAL	MORC1[13-32]	6	4630	VQFLMEMYKMKKPIMKADML	MAGE-B3[119-138]
7	3308	SEGCVHILDSQTVVLKEPQC	MPHOSPH1[77-96]	6	4631	DEESVSASQKAIIFKRLSKD	MAGE-B6[174-193]
7	3309	ELLFRQIAWIKKLPFFCELS	NR6A1[293-312]	6	4632	PRELLTKVWVQGHYLEYREV	MAGE-C2[270-289]
7	3310	KHLKHMRRMYGTSLYQFIPL	NYD-TSPG[161-180]	6	4633	EKPLNSFQYQRRQAMGIPFI	MORC1[464-483]
7	3311	LSISSCLQQLSLLMWITQCF	NY-ESO-1[147-166]	6	4634	KFSVWVSFFEIYNEYIYDLF	MPHOSPH1[268-287]
7	3312	ERENRYDCLGSKKYSYMNIC	ODF1[153-172]	6	4635	NGGSSLSYTNPAVAAASANL	MUC-1[1236-1255]
7	3313	KHTPTKLRAPAYSFRGAPML	ODF3[40-59]	6	4636	QPERLLFVIDSFEELQGGLN	NLRP4[222-241]
7	3314	TDGVIICVAENISSLLGHLP	PASD1[50-69]	6	4637	QEMVQAFSAQSGMKLEWSQK	NXF2[573-592]
7	3315	SEKKKSVLCSTPTINIPASP	PBK[14-33]	6	4638	ITKRSEQIVEFLLIKNANAN	NY-BR-1[124-143]
7	3316	YAASIRRTDGGLFLLADVSH	PIWIL2[363-382]	6	4639	ADSVHLAWDLSRSLGAVVFS	OIP5[88-107]
7	3317	MKVFKFIGLMILLTSAFSAG	PLAC1[1-20]	6	4640	WQQRQFYNKQSTLPRHSTLS	PEPP2[506-525]
7	3318	LSLQCLQALYVDSLFFLRGR	PRAME[293-312]	6	4641	ESVGLVSMFRGLGIETVSKT	PIWIL2[67-86]
7	3319	PRSWLLLCPLSHVLFRAILY	PRSS55[333-352]	6	4642	QENPAAFVRAIQQYVDPDVQ	PIWIL4[526-545]

[0539]

7	3320	NITCCDTDLCNASGAHALQP	PSCA[74-93]	6	4643	KAVSQDMVIYSTEIHYSSKG	PLAC1[85-104]
7	3321	LSPQCLSLLHAMVAYDPDER	RAGE-1[254-273]	6	4644	DNDIALLLLASPIKLDDLKV	PRSS55[154-173]
7	3322	AAGISSTITRDLYVTATHSV	SAGE1[657-676]	6	4645	EIQALRRLNPHPNILMLHEV	RAGE-1[50-69]
7	3323	TREPAAEIEALLGMDLVRLG	SCRN1[97-116]	6	4646	EEEEDAAWQAEEVLRQQKLA	RCAS1[160-179]
7	3324	IAECTSMIGYALGYVLGAPL	SLCO6A1[269-288]	6	4647	FIQATDYVEIWQAYLDYLRR	SART3[411-430]
7	3325	EIADDLSILYSNRAACYLKE	SPAG1[481-500]	6	4648	MEESNKARAAHSFVVTEFET	SCP-1[363-382]
7	3326	GVWVSIRLDSTLRLYHAHTY	SPAG9[1101-1120]	6	4649	RLKTIKQLYEQFIKSMEELE	SCP3a[171-190]
7	3327	INMISGVLQRYCRFGSRPLQ	SSX-3[151-170]	6	4650	GETAKEALDVIVSLLEEHGQ	SCRN1[120-139]
7	3328	KLNYEVMTKLGFKVTLPPFM	SSX-4[52-71]	6	4651	EAGAAALRNVAQRLFENYQT	se57-1[121-140]
7	3329	FLEGCACTPERMAEAGFIHC	Survivin[27-46]	6	4652	ISGKEEETSVTILDSSEEDK	SP17[92-111]
7	3330	QSGRKLAELQASLSKYCDQL	TDRD1[515-534]	6	4653	IDVVESEAVSVLHHWLKKTE	SPATA19[28-47]
7	3331	ILLVLGASLLTSGLELYCQK	TEX101[11-30]	6	4654	QGIRNLVTDAKFVLIVEKDA	SPO11[208-227]
7	3332	LHFQGFIHRSLSSYAVHIIS	TEX14[367-386]	6	4655	EKRSKAFDDIATYFSKKEWK	SSX-1[19-38]
7	3333	FELYPEFLLVFKEAFHDISH	TMEM31[91-110]	6	4656	GFKAILPSFMRNKRVTDFQG	SSX-3[62-81]
7	3334	LAIALFFLMDVLLRVFVERR	TPTE[131-150]	6	4657	ISEKLRKAFDDIAKYFSKKE	SSX-4[17-36]
7	3335	LLKEHLCLAENKMAIQSRDV	TSGA10[594-613]	6	4658	HRVRERKQLVIYEEISDPQE	SSX-5[166-185]
7	3336	FRSNPYFQNKVITKEYLVNI	TSPY1[205-224]	6	4659	QALAPDFRLNPVRRLIPAAR	TAG-1[413-432]
7	3337	EQASRIWSWLLGAAMVGAVL	TYR[469-488]	6	4660	IMLLKNFMLNQNVMLSVKGI	TDRD1[1072-1091]
7	3338	ALPVSGAAQWAPVLDFAPPG	WT1[25-44]	6	4661	DNIKHSQNMRANSIQLREEA	TEKT5[301-320]
7	3339	EEGGPRSGGAQAKLGCCWGY	XAGE-1c[18-37]	6	4662	PKIRDNFWSMPMSEVSQVSR	THEG[238-257]
8	3340	LVPDGAVCSNLPYASWFESF	ACRBP[84-103]	6	4663	HNALHIYMNGTMSQVQGSAN	TYR[363-382]
8	3341	YAGGVVLHPRTISLESLAVI	ADAM2[291-310]	6	4664	DLERGTDEAVLQVQAHEHGQ	ZNF165[126-145]
8	3342	MCTPHRSCAIVTFMNKTLGT	ADAM29[306-325]	7	4665	GLGGLRMDSNFDSLPVQITV	ADAM2[10-29]
8	3343	DKLVESVMKLCLIMAKYSND	AKAP-4[698-717]	7	4666	EIKPLAFSTTFEHLVYKMDS	ADAM29[135-154]
8	3344	LEPEDGTALDVHFVSTLEPL	BAGE-2[31-50]; BAGE-3[31-50]	7	4667	ASFVHEYSRRHPQLAVSVIL	AFP[352-371]
8	3345	FAADVRLMFMNCYKYNPPDH	BRDT[337-356]	7	4668	DDFTASVSEGIMTYANSVVS	AKAP-3[275-294]
8	3346	SGIINFIHFREACRETYMEF	CDCA1[122-141]	7	4669	SDTSGDFRKLMVALAKGRRA	ANXA2[161-180]
8	3347	RCGENLYMSSDPTSWSSAIQ	CRISP2[93-112]	7	4670	VDAVKLQLPDYYTIIKNPMD	BRDT[56-75]
8	3348	NESSMLSTDTKKASILLIRK	CT46[137-156]	7	4671	TMYRGNTTMDIKDLVKQFHQ	CABYR[45-64]
8	3349	ANFDLAVVARRYPASGIHFV	CT47[103-122]	7	4672	SRQMVTDLELSTLLPISHEN	CCDC62[641-660]
8	3350	YIDQFLLTSFPTFTSVGVLI	CTAGE1[35-54]	7	4673	TLSFPRYNVAEIVIHIRNKI	CDCA1[3-22]
8	3351	FAMRNVYLPRGFLPYRPPRP	CTAGE2[717-736]	7	4674	AMSKAKKLMTGHAIPPSQLD	CT45[51-70]
8	3352	PKYQCPHCATIIARKSDLRV	CTCFL[426-445]	7	4675	DALQKKYLRMVVLAVYTNPE	CT46[87-106]
8	3353	VVLTVKASYVASTKYQKVYG	CTNNA2[876-895]	7	4676	LTERLLKMKDGVAMLEEDVT	CTAGE2[237-256]
8	3354	PQVDDIVNVVMVESIQFCFI	CXorf48[211-230]	7	4677	SKSLKSQVAEAKMTFKIFQM	cTAGE5[180-199]
8	3355	LGTVKWFNVRNGYGFINRND	DBPC[95-114]	7	4678	KSDLRVHMRNLHAYSAAELK	CTCFL[440-459]
8	3356	SGIRSVSFYEHIITVGTGQG	DCAF12[341-360]	7	4679	FGKEMVKLNYVAARRQQELK	CTNNA2[179-198]
8	3357	KNMENRHAMSSQYRMHSYYP	DMRT1[276-295]	7	4680	KRILVNLSMVENKLVELEHT	CXorf61[78-97]
8	3358	TKGWVRLQFHAGQAWVPTTH	DPPA2[235-254]	7	4681	NRRKSRRFIPRPPSVAPPPM	DBPC[176-195]
8	3359	LAAATATFAAAQEECVCENY	EpCAM[13-32]	7	4682	LQGFSRLFLKGNLLRGIDSL	DKKL1[52-71]
8	3360	VSGLVTSRSFRTASVSINQT	EPHA2[418-437]	7	4683	ASEGRMVIQDIPAVTSRGHV	DMRT1[178-197]
8	3361	EPPPVSFQPYHPLHFRGSNG	FAM46D[368-387]	7	4684	PGHQKRIAYSLLGLKDQVNT	EPHA2[952-971]
8	3362	GQSLEEDSALEALLNFFFPT	FMR1NB[113-132]	7	4685	LDPMLDFYSDKNAKLTKESY	FAM46D[180-199]
8	3363	CILKQKSIIKLSSERKKEDI	FSIP1[415-434]	7	4686	PGTDAVAQTSLEEFNVLEME	FATE1[116-135]
8	3364	GWTPLMYAASVANAELVRVL	GASZ[79-98]	7	4687	AIQKMKKLDKILAKKQRREK	FSIP1[118-137]
8	3365	DCVLYRYGSFSVTLDIVQGI	gp100[474-493]	7	4688	HFLESHYLHEQVKTIKELGG	FTHL17[132-151]
8	3366	HEELPLCFALKSHFVGAVIG	HAGE[65-84]	7	4689	EKIKQRLFENLRMLPHAPGV	HDAC2[361-380]; HDAC1[360-379]
8	3367	GILELLKYHPRVLYIDIDIH	HDAC3[153-172]	7	4690	TIFENLKMLNHAPSVQIHDV	HDAC3[361-380]
8	3368	VGFTGTMPATNVSIFINNTQ	IGFS11[92-111]	7	4691	PSQKPSGFKSGQHPLNGQPL	HOM-TES-85[92-111]
8	3369	LPPVYLTFTRESSCEIKLKW	IL13RA2[239-258]	7	4692	GSETWKTIITKNLHYKDGFD	IL13RA2[77-96]
8	3370	VDILTYIVWKISGLPVTRVI	LDHC[140-159]	7	4693	IEEIPAYLPNGAALKDSVQR	JARID1B[997-1016]
8	3371	DHFPLLFSEASECMLLVFGI	MAGE-A10[170-189]	7	4694	DVGYGRSISSSSSLRRSSKE	KU-CT-1[621-640]
8	3372	EYLQLVFGIEVVEVVRIGHL	MAGE-A12[156-175]	7	4695	SRGATTFIYNRAVKNTRKVA	LIPI[135-154]
8	3373	GPRALIETSYVKVLHHTLKI	MAGE-A2[274-293]	7	4696	PRAHAEIRKMSLLKFLAKVN	MAGE-A10[300-319]
8	3374	SSSSPLVPGTLGEVPAAGSP	MAGE-A5[40-59]	7	4697	VKGLITKAEMLGSVIKNYED	MAGE-A11[239-258]
8	3375	RALIETSYVKVLHHMVKISG	MAGE-A6[276-295]	7	4698	EEQEAASSSSTLVEVTLGEV	MAGE-A3[34-53]; MAGE-A6[34-53]
8	3376	AGHSYILVTCLGLSYDGLLG	MAGE-A8[175-194]	7	4699	EERAQVRSSVRARRRTTATT	MAGE-B1[312-331]
8	3377	WGPRAYAETTKMKVLEFLAK	MAGE-B1[272-291]	7	4700	IEKKQSFSQGLSSTVQSRTD	MAGE-B3[90-109]
8	3378	TDEESLLSSWDFPRRKLLMP	MAGE-B2[187-206]	7	4701	FPEIFRKVSQRTELVFGLAL	MAGE-B4[147-166]
8	3379	SDPPCYEFLWGPRAYAETTK	MAGE-B6[350-369]	7	4702	SLLQIPMTSSFSSTLLSIFQ	MAGE-C1[336-355]
8	3380	IGILTVILGVLLLIGCWYCR	MART1[30-49]	7	4703	TSPQLSTGVSFFFLSFHISN	MUC-1[1032-1051]
8	3381	EESLSEVVVPMPSWLIRTRE	MORC1[136-155]	7	4704	TETQVKIWFQNRRYKTKRKQ	NKX3.1[164-183]
8	3382	NISQCYLAYDETLNVLKFSA	MPHOSPH1[455-474]	7	4705	MQDPAFVKQAVNLLQEANFH	NLRP4[560-579]
8	3383	SSLRKLCFSVQNVFKKEDEH	NLRP4[597-616]	7	4706	QMEMLKLTMNKRYNVSQQAL	NXF2[213-232]
8	3384	QDNEWNYTRAGQAFTMLQTE	NXF2[595-614]	7	4707	AQRKSKSLKINLNYAGDALR	NY-BR-1[1200-1219]
8	3385	HEEVVTFLVDRKCQLDVLDG	NY-BR-1[29-48]	7	4708	ATSAQNIEFLQVIAKREEAI	ODF2[675-694]
8	3386	CGARGPESRLLEFYLAMPFA	NY-ESO-1[78-97]	7	4709	PINIWIFELERNVSIPIGWS	ODF4[163-182]
8	3387	LASSCCSSNILGSVNVCGFE	ODF1[116-135]	7	4710	THNRLKSLMKILSEVTPDQS	OIP5[206-225]
8	3388	DKMVCYLLKTKAIVNASEMD	OIP5[167-186]	7	4711	SQEIEMHADNPAAIQTVVLQ	PEPP2[674-693]
8	3389	PEVNPLYRADPVDLEFSVDQ	PASD1[291-310]	7	4712	YNPLMEARRLRSALLFQHED	PIWIL1[136-155]
8	3390	DKADIFAFGLTLWEMMTLSI	PBK[226-245]	7	4713	FGERHIFDGNSLLLSRPLKE	PIWIL3[170-189]
8	3391	GLKPDHMQRLTFKLCHLYYN	PIWIL4[793-812]	7	4714	SNKAKAFDGAILFLSQKLEE	PIWIL4[151-170]
8	3392	VTECGIRAKAVSQDMVIYST	PLAC1[77-96]	7	4715	LKKEGWRPRRTILFASWDAE	PSMA[405-424]

[0540]

8	3393	EVGEFPWQVSIQARSEPFCG	PRSS55[75-94]	7	4716	QQRKKMEKEAQRLMKKEQNK	RCAS1[188-207]
8	3394	LHEVVFDRKSGSLALICELM	RAGE-1[66-85]	7	4717	EKVHSLFRRQLAIPLYDMEA	SART3[245-264]
8	3395	VFSFLKRLICRSGRGRKLSG	RCAS1[18-37]	7	4718	EQEQSSLRASLEIELSNLKA	SCP-1[739-758]
8	3396	SLEKHKLFISGLPFSCTKEE	SART3[797-816]	7	4719	NLLTGAQNEFKKEMAMLQKK	SCP3a[195-214]
8	3397	AEGSKAMNGSAAKLQQYYCW	SOX-6[576-595]	7	4720	ERKLSLENKLLQLKSSATYG	se57-1[207-226]
8	3398	MTFGRLHRIIPKIMPKKPAE	SSX-1[99-118]	7	4721	SYNHKQIEQLYAAQLASMQV	SOX-6[360-379]
8	3399	TENEPDLAQCFFCFKELEGW	Survivin[48-67]	7	4722	REILREQPDNIPAFAAAYFE	SP17[25-44]
8	3400	ACTVRNLARSQSVKMKDKLK	TAF7L[111-130]	7	4723	HLSKSDLLANQSQEVLEERT	SPATA19[93-112]
8	3401	SIKARFPAETYALVGQQVTL	TAG-1[240-259]	7	4724	ASIENIIQDIITSLARNEAP	SPO11[49-68]
8	3402	PLVSRDPPASASLFQDTCAG	TAG-2a[67-86]	7	4725	GKHAWTHRLRERKQLVIYEE	SSX-1[160-179]
8	3403	AVGPMFVREACPHQLLTQPR	TEX101[199-218]	7	4726	QIPEKIQKAFDDIAKYFSKE	SSX-2[16-35]
8	3404	VGPPSLNYIPPVLQLSGGQK	TEX14[794-813]	7	4727	KYFSEKEWEKMKASEKIIYV	SSX-5[30-49]
8	3405	KAQMEKIGLPIILHLFALST	TMEM31[113-132]	7	4728	AEGPSTLDEGLFLRSQEAAA	SYCE1[219-238]
8	3406	YFWLHTSFIENNRLYLPKNE	TPTE[495-514]	7	4729	DADSSAQAAAQAPENFQEGK	TAF7L[66-85]
8	3407	EAPPIYLQVSSYQHWIWDCL	TSP50[338-357]	7	4730	VSREAILRFGFLQEFSKEER	TAG-1[121-140]
8	3408	TLAKHTISSDYVIPIGTYGQ	TYR[139-158]	7	4731	GGAESERGLPASTLSRLSNR	TAG-2a[29-48]
8	3409	WAPVLDFAPPGASAYGSLGG	WT1[34-53]	7	4732	GFWKSELSYELDRLLTENQN	TEKT5[149-168]
8	3410	GGAQAKLGCCWGYPSPRSTW	XAGE-1c[25-44]	7	4733	ALKSRISWEGLLALDNGEME	TEX15[712-731]
8	3411	LKQELCRQLFRQFCYQDSPG	ZNF165[43-62]	7	4734	RPKRFYLEYYNNNRTTPVWP	THEG[199-218]
9	3412	PAGAFARRPPLAELAALNLS	5T4[107-126]	7	4735	VLGEAWRDQVDWSRLLRDAG	TRAG-3[45-64]
9	3413	FKSQQCLMRNRNRKVSRMRC	ACRBP[490-509]	7	4736	SDVPVLQVIMHSRYRAQRFW	TSP50[179-198]
9	3414	SVESCEISLRPLLVSHVMAC	ACTL8[279-298]	7	4737	FKWNSDFINHQIIYAGEKNH	ZNF165[301-320]
9	3415	EELQKYIQESQALAKRSCGL	AFP[399-418]	8	4738	LRHLDLSNNSLVSLTYVSFR	5T4[236-255]
9	3416	AVSPEFAYVPADPAQLAAQM	CABYR[160-179]	8	4739	KTLEFAGQDLSAYLLKSLFK	ACTL8[171-190]
9	3417	ECADQRLAISHSQIAHLEER	CAGE1[713-732]	8	4740	YKEVSKMVKDALTAIEKPTG	AFP[60-79]
9	3418	REKLKSQEIFLNLKTALEKY	CDCA1[414-433]	8	4741	LMTDTQFVSAVKRTVFSHGS	AKAP-3[348-367]
9	3419	QLVWYSTYQVGCGIAYCPNQ	CRISP2[139-158]	8	4742	PKWISIMTERSVPHLQKVFD	ANXA2[211-230]
9	3420	KRKLVKELRCVGQKYEKIFE	CT45[127-146]	8	4743	EVPAQLLDAEGAIKIGSEKS	CABYR[397-416]
9	3421	NKISTEHQSLVLVKRLLAVS	CT46[18-37]	8	4744	EKVSDIMLQKLKSLHLKKKT	CAGE1[645-664]
9	3422	YLPRGFLPYRPPRPAFFPPA	CTAGE2[723-742]	8	4745	DSRFGHFRLSSGKFYGHKEK	CALR3[43-62]
9	3423	LPQGDTQLTTVQGVVTSFCG	CXorf48[29-48]	8	4746	VEWMSIFKPSKMQRIVRLKS	CCDC62[532-551]
9	3424	PPARSQADKPVLAIQVLGTV	DBPC[79-98]	8	4747	SQIDDFTGFSKDRMMQKPGS	CT45[71-90]
9	3425	AENTLSKLLSTKLPYCRENV	DCAF12[281-300]	8	4748	LLEKDPYALDVPNTAFGREH	cTAGE5[497-516]
9	3426	PYYNNLYNCPQYSMALAADS	DMRT1[220-239]	8	4749	NSTALALVRPSSSGLINSNT	CXorf61[34-53]
9	3427	KALNSCSIPVSVEAFLMQAS	DPPA2[200-219]	8	4750	PRMEEKEALVPIQKATDSFH	DKKL1[141-160]
9	3428	ALLSVRVYYKKCPELLQGLA	EPHA2[190-209]	8	4751	TRPKKMGSQLPKPRMLRESG	FATE1[73-92]
9	3429	CQILDSLSYMRNENVISELN	FBXO39[180-199]	8	4752	MGKRLDYLNLKGARLTVEQG	FBXO39[160-179]
9	3430	CYYLSYYLCSGSSYFVLANG	FMR1NB[83-102]	8	4753	LSDDKMEHAQKLMRLQNLRG	FTHL17[59-78]
9	3431	KYDTNCDAAINSHITLELYT	FTHL17[12-31]	8	4754	KLESSHSRGSMTALGGASSS	GATA-3[195-214]
9	3432	NGYTALTWAARQGHKNIVLK	GASZ[181-200]	8	4755	YYPEDLFIDKKVLKVAHVEH	Glypican-3[361-380]
9	3433	HVPPYYGNSVRATVQRYPPT	GATA-3[59-78]	8	4756	NHHSERSRNHLERSLSQSDR	HOM-TES-85[156-175]
9	3434	RCLLHLAVIGALLAVGATKV	gp100[7-26]	8	4757	EGDALRYMIERTVNWQHRAQ	JARID1B[1248-1267]
9	3435	KCVEVVKTFNLPLLMLGGGG	HDAC2[284-303]	8	4758	LDKLNGFQLENFTLKVAYIP	KOC1[136-155]
9	3436	INQVVDFYQPTCIVLQCGAD	HDAC3[240-259]	8	4759	LLRELDVMNSVIAQLAPEEE	KU-CT-1[103-122]
9	3437	SKKTLLRFWLPFGFILILVI	IL13RA2[337-356]	8	4760	REGAGRMRVVGWGLGSASPE	Lage-1[142-161]
9	3438	DLLHQLVTIMNPNTLMTHEV	JARID1B[547-566]	8	4761	LSTEKSKKLKKWPEASTTKR	LEMD1[80-99]
9	3439	EAHIRVPSFAAGRVIGKGGK	KOC1[489-508]	8	4762	GSIPLWLQNFVRILLNEEDM	LIPI[108-127]
9	3440	IIKLKGYTSWAIGLSVMDLV	LDHC[241-260]	8	4763	QSPQGASAFPTTINFTRQRQ	MAGE-A1[56-75]
9	3441	TTKRKAVDTYCLDYKPSKGR	LEMD1[96-115]	8	4764	GSVIKNYEDYFPEIFREASV	MAGE-A11[250-269]
9	3442	FIKCNHQRAVHLFMASLETN	LIPI[269-288]	8	4765	KLLTQHFVQENYLEYRQVPG	MAGE-A3[244-263]
9	3443	EEALEAQQEALGLVCVQAAT	MAGE-A1[13-32]	8	4766	TTEEQEAAVSSSSPLVPGTL	MAGE-A4[32-51]
9	3444	GPITQIFPTVRPADLTRVIM	MAGE-A11[92-111]	8	4767	VGKEHMFYGEPRKLLTQDWV	MAGE-A9[231-250]
9	3445	ALVETSYVKVLHHLLKISGG	MAGE-A12[277-296]	8	4768	FWAKVNKTVPSAFQFWYEEA	MAGE-B3[291-310]
9	3446	EYLQLVFGIEVVEVVPISHL	MAGE-A2[156-175]	8	4769	EPTTKAEMLKIISKKYKEHF	MAGE-B4[128-147]
9	3447	LERVIKNYKRCFPVIFGKAS	MAGE-A4[137-156]	8	4770	IESEPLFTYTLDEKVDELAR	MAGE-C1[898-917]
9	3448	APEEVIWEALSVMGVYVGKE	MAGE-A9[215-234]	8	4771	KKKVLEFLAKLNNTVPSSFP	MAGE-C2[311-330]
9	3449	PITKAEMLTNVISRYTGYFP	MAGE-C1[928-947]	8	4772	AASRYNLTISDVSVSDVPFP	MUC-1[1128-1147]
9	3450	MPREDAHFIYGYPKKGHGHS	MART1[1-20]	8	4773	PTPSKPLTSFLIQDILRDGA	NKX3.1[20-39]
9	3451	IEDSEMSRVIRVSELSLCDL	MPHOSPH1[362-381]	8	4774	SSRSVELNGFMAFREQYMGM	NR6A1[198-217]
9	3452	CFPKLLRLDGRELSAPVIVD	NXF2[349-368]	8	4775	SNLQNNYAHLTNSSINKSGA	NYD-TSPG[288-307]
9	3453	SEIVGMLLQQNVDVFAADIC	NY-BR-1[162-181]	8	4776	KLVEAEMDGAAAAKQVMALK	ODF2[210-229]
9	3454	CIDEFSTRCLCDLYMHPYCC	ODF1[27-46]	8	4777	SAPSHSISARTKAFRVDSTP	ODF3[118-137]
9	3455	IWIFELERNVSIPIGWSYFI	ODF4[166-185]	8	4778	AFSKKWLDLSRSLFYQRWPV	ODF4[99-118]
9	3456	ERCAVFQCAQCHAVLADSVH	OIP5[73-92]	8	4779	DLNLEWISLPRSWTYGITRG	PEPP2[4-23]
9	3457	AVYVEPAAAAAAAAISDDQI	PASD1[223-242]	8	4780	NSLIQNLFKVTPAMGMQMRK	PIWIL1[509-528]
9	3458	DFDDEAYYAALGTRPPINME	PBK[265-284]	8	4781	KWYSRVVFQMPHQEIVDSLK	PIWIL2[770-789]
9	3459	KKAIQLYRHGTSLEIWLGYV	PIWIL3[249-268]	8	4782	LHSWLILYSRSSHREAMSLK	PIWIL3[507-526]
9	3460	TRNEWYDFYLISQVACRGTV	PIWIL4[761-780]	8	4783	QLTTLSFYGNSISISALQSL	PRAME[407-426]
9	3461	LLTSAFSAGSGQSPMTVLCS	PLAC1[12-31]	8	4784	EMKTYSVSFDSLFSAVKNFT	PSMA[621-640]
9	3462	LLKDEALAIAALELLPRELF	PRAME[34-53]	8	4785	PAPDNVLLTLRPRRINMTDT	SAGE1[216-235]
9	3463	ECGDRSIFEGRTRYSRITGG	PRSS55[52-71]	8	4786	KDKRDYLWTSAKNTLSTPLP	SCP-1[833-852]
9	3464	YPANEYAYRRGIAEAVGLPS	PSMA[272-291]	8	4787	QEEKILNMFRQQQKILQQSR	SCP3a[146-165]
9	3465	QPYTEYISTRWYRAPECLLT	RAGE-1[156-175]	8	4788	DQEQGRKLRSTMLELEKQGL	SCRN1[361-380]
9	3466	PPQLVHMAAAGIPSMSTRDL	SAGE1[132-151]	8	4789	KKIRTTLQKIRTQMFKDEIR	se57-1[38-57]
9	3467	RRKVLSRAVAAATYKTMGPA	SART3[35-54]	8	4790	QSSGISFQSKYLSFFILGQT	SLCO6A1[218-237]
9	3468	AAPPSYCFVAFPPRAKDGLV	SCRN1[3-22]	8	4791	TPNNHFTLEDIQALKRQYEL	SPAG1[907-926]

[0541]

9	3469	LCTIIFTTIAFFIYKRRLNE	SLCO6A1[678-697]	8	4792	GYRNKIYVVQPKAMKIEKSF	SPAG9[1063-1082]
9	3470	YAAQLASMQVSPGAKMPSTP	SOX-6[370-389]	8	4793	EMTEDIMRDRIEQVRRSISR	SPATA19[130-149]
9	3471	CEKHLQALAPESRALRKDKP	SPAG1[61-80]	8	4794	YATKRDIYYTDSQLFGNQTV	SPO11[130-149]
9	3472	TFIPYCSMAHAQLCFHGHRD	SPAG9[1205-1224]	8	4795	MNGDDAFARRPTVGAQIPEK	SSX-2[1-20]
9	3473	PPGKPTTSEKINMISGVLQR	SSX-3[141-160]	8	4796	MNGDDTFARRPTVGAQIPEK	SSX-3[1-20]
9	3474	FHMPERLAKEICALDSSKEQ	SYCE1[175-194]	8	4797	VTLPPFMRSKRAADFHGNDF	SSX-4[65-84]
9	3475	TLPLCRVQPITSSHLALPFQ	TDRD1[1032-1051]	8	4798	RGKHAWTHRVRERKQLVIYE	SSX-5[159-178]
9	3476	SSPPGLIVTSYSNYCEDSFC	TEX101[95-114]	8	4799	VHLKEILSKKQETLRILRLH	SYCE1[96-115]
9	3477	CKMSLHFCLCWPSVYWTERF	THEG[158-177]	8	4800	LGVTKEIAIWAERIMFSDLR	TDRD1[237-256]
9	3478	FLLVFKEAFHDISHCLKAQM	TMEM31[97-116]	8	4801	LVNEVFTIDDTLQTLKLRLR	TEKT5[415-434]
9	3479	DRTGTMVCAFLIASEICSTA	TPTE[343-362]	8	4802	YGLEHIFFDAAKNLVWKERT	TEX15[1882-1901]
9	3480	HCLIWRDVIYSVRVGSPWID	TSP50[153-172]	8	4803	PSTTMTKARKRRRRRRLMEL	THEG[112-131]
9	3481	DSCTGSQALLLRTPYSSDNL	WT1[207-226]	8	4804	KARQSEADNNTLKLELITAE	TSGA10[430-449]
10	3482	LASNHFLYLPRDVLAQLPSL	5T4[217-236]	8	4805	HHNSSLNFFNWFSDHNFAGS	TSPY1[250-269]
10	3483	RKPAAGFLPSLLKVLLLPLA	ACRBP[2-21]	9	4806	QDFAKYIEMHVIVEKQLYNH	ADAM2[174-193]
10	3484	ENPGPSYARRRVSLGIDICH	ACTL8[40-59]	9	4807	DSEEKQFSTMRSGFMQNEIT	ADAM29[153-172]
10	3485	LTNAIFVSFNITIILSSLEL	ADAM2[211-230]	9	4808	KQLQAVLQWVAASELNVPIL	AKAP-3[771-790]
10	3486	ILQINDFAYEIKPLAFSTTF	ADAM29[126-145]	9	4809	MTDSDFVSAVKRNLFNQWKQ	AKAP-4[398-417]
10	3487	ENCYSVYADQVNIDYLMNRP	AKAP-4[153-172]	9	4810	RYKSYSPYDMLESIRKEVKG	ANXA2[231-250]
10	3488	VSNLSQGVMLSHSPICMETT	CAGE1[38-57]	9	4811	LKAVHQQLQVLSQVPFRKLN	BRDT[430-449]
10	3489	AIGLELWQVRSGTIFDNFLI	CALR3[299-318]	9	4812	AISARFKPFSNKGKTLVIQY	CALR3[76-95]
10	3490	TKKASILLIRKIYILMQNLG	CT46[146-165]	9	4813	LHNLRQIYVKQQSDLQFLNF	CCDC62[282-301]
10	3491	QLSRLMVGPHAAARNLWGNL	CT47[146-165]	9	4814	EEGEQAAGLAAVPRGGSAEE	CT47[64-83]
10	3492	ELYQENEMKLYRKLIVEEKC	CTAGE2[357-376]	9	4815	LSGPAELRSFNMPSLDKMDG	cTAGE5[634-653]
10	3493	PPPAPFAMRNVYPPRGFPPY	cTAGE5[743-762]	9	4816	MSGDERSDEIVLTVSNSNVE	CTCFL[206-225]
10	3494	ACKQDLLAYLQRIALYCHQL	CTNNA2[770-789]	9	4817	LVYDGVRDIRKAVLMIRTPE	CTNNA2[615-634]
10	3495	GPSDSGTRVLIGCVTSINED	CXorf48[105-124]	9	4818	LEHTLLSKGFRGASPHRKST	CXorf61[94-113]
10	3496	SGQRPRRWCPPPFFYRRRFV	DBPC[216-235]	9	4819	VAFWIIKLPRRRSHQDALEG	DKKL1[167-186]
10	3497	DSSGTKLFVAGGPLPSGLHG	DCAF12[427-446]	9	4820	KTQNDVDIADVAYYFEKDVK	EpCAM[202-221]
10	3498	YPPPSYLGQSVPQFFTFEDA	DMRT1[294-313]	9	4821	IVKDARLNGSVASYILASHN	FAM46D[57-76]
10	3499	LASWARIAARAVQPKALNSC	DPPA2[186-205]	9	4822	LQEYAGNFQGIRFHYDRNPG	FATE1[98-117]
10	3500	EKAPEFSMQGLKAGVIAVIV	EpCAM[254-273]	9	4823	EMENTKKFLSLTAVSEETVG	FSIP1[168-187]
10	3501	SCKETFNLYYAESDLDYGTN	EPHA2[114-133]	9	4824	VLLGLFSTIHDSIQYVQKNA	Glypican-3[319-338]
10	3502	LRHKCCFSSSGTTSFKCFAP	FMR1NB[157-176]	9	4825	PKASTWVVASRRSSTVSRAP	HAGE[8-27]
10	3503	AQKLMRLQNLRGGHICLHDI	FTHL17[67-86]	9	4826	NQPEQVILYQGGQMFDGAPR	IGFS11[68-87]
10	3504	TTYPPYVPEYSSGLFPPSSL	GATA-3[220-239]	9	4827	KKNSYHFSAGFGSPIEDKSE	KU-CT-1[643-662]
10	3505	DDMVNELFDSLFPVIYTQLM	Glypican-3[164-183]	9	4828	VLKDFTVSGNLLFMSVRDQD	Lage-1[122-141]
10	3506	CLNVSLADTNSLAVVSTQLI	gp100[566-585]	9	4829	KLLTQDWVQENYLEYRQVPG	MAGE-A10[269-288]; MAGE-A4[245-264]
10	3507	KYHSDDYIKFLRSIRPDNMS	HDAC1[66-85]	9	4830	APEEKIWEELSVLEVFEGRE	MAGE-A3[216-235]; MAGE-A6[216-235]
10	3508	SYKHLFQPVINQVVDFYQPT	HDAC3[231-250]	9	4831	KSPQGASAIPTAIDFTLWRQ	MAGE-A5[63-82]
10	3509	ISHATLERIGAVPVMVPAQS	IGFS11[406-425]	9	4832	LRKLLTQEWVQENYLEYRQA	MAGE-A8[245-264]
10	3510	PQDFEIVDPGYLGYLYLQWQ	IL13RA2[35-54]	9	4833	DHFTEILNGASRRLELVFGL	MAGE-B1[144-163]
10	3511	MNPNTLMTHEVPVYRTNQCA	JARID1B[556-575]	9	4834	KASEGLSVVFGLELNKVNPN	MAGE-B2[155-174]
10	3512	MYVIDLMFHPGGLMKLRSRE	KU-CT-1[846-865]	9	4835	ILKKASFNMEVVFGVDLKKV	MAGE-B3[152-171]
10	3513	ISSIGLTYFQSSNLQCSTCT	LIPI[418-437]	9	4836	DTTPNNFPLLYEEALRDEEE	MAGE-B4[294-313]
10	3514	TGHSYVLVTCLGLSYDGLLG	MAGE-A1[165-184]	9	4837	DSSGESYTLVSKLGLPSEGI	MAGE-B6[256-275]
10	3515	AQDRIATTDDTTAMASASSS	MAGE-A10[341-360]	9	4838	MIVIKYKDYFPVILKRAREF	MAGE-C2[169-188]
10	3516	EVLSIMGVYAGREHFLFGEP	MAGE-A11[336-355]	9	4839	EKQRELKTARTLSLFYGVNV	MORC1[341-360]
10	3517	MAELVHFLLLKYRAREPFTK	MAGE-A12[113-132]	9	4840	TDYYQELQRDISEMFLQIYK	MUC-1[1063-1082]
10	3518	SVLRNCQDFFPVIFSKASEY	MAGE-A2[138-157]	9	4841	AETEPERHLGSYLLDSENTS	NKX3.1[91-110]
10	3519	ALVETSYVKVLHHMVKISGG	MAGE-A3[277-296]	9	4842	RNKSVRYLDLSANVLKDEGL	NLRP4[805-824]
10	3520	SGGPRISYPLLHEWALREGE	MAGE-A6[294-313]	9	4843	RSLDPQSYSLIHQLLSAEDL	NR6A1[244-263]
10	3521	MLGDGHSMPKAALLIIVLGV	MAGE-A9[188-207]	9	4844	PNDYTKFVAEYFQERQMLGT	NYD-TSPG[185-204]
10	3522	RNGLLMPLLGVIFLKGNSAT	MAGE-B1[197-216]	9	4845	EAELARRSLAQDAPPLPVPG	NY-ESO-1[101-120]
10	3523	SVTKGEMLKIVGKRFREHFP	MAGE-B2[131-150]	9	4846	SMQNYVQFLKSSYANVFGDG	ODF2[792-811]
10	3524	FLNMLGIYDGKRHLIFGEPR	MAGE-B4[223-242]	9	4847	DVRVTKFKAPQYTMAARVEP	ODF3[189-208]
10	3525	IITEDLVQDKYVVYRQVCNS	MAGE-B6[331-350]	9	4848	LHKEKYTLEQALLSASQEIE	PEPP2[659-678]
10	3526	PVTEAEMLMIVIKYKDYFPV	MAGE-C2[161-180]	9	4849	IYTRRNYEAANSLIQNLFKV	PIWIL1[499-518]
10	3527	KLKMCFNQIQNTYMVQYEKK	MORC1[861-880]	9	4850	LVGNIVITRYNNRTYRIDDV	PIWIL2[413-432]
10	3528	SDVPFPFSAQSGAGVPGWGI	MUC-1[1142-1161]	9	4851	IRKTQKIVIKKREPLNFGIP	RCAS1[102-121]
10	3529	PLCSTFSDQSAYVSAIRDCF	NXF2[331-350]	9	4852	GAIRKMREDRWAVIAKMDRK	SCP-1[946-965]
10	3530	VLVKRKLVHDIIDLIYLNGL	NYD-TSPG[401-420]	9	4853	LQKKIMMETQQQEIASVRKS	SCP3a[211-230]
10	3531	SLLMWITQCFLPVFLAQPPS	NY-ESO-1[157-176]	9	4854	EKEKRTLLERKLSLENKLLQ	se57-1[199-218]
10	3532	PYPYCLCYSKRSRSCGLCDL	ODF1[51-70]	9	4855	EVLEERTRIQFIRWSHTRIF	SPATA19[106-125]
10	3533	VVTFGIKHSDYMTPLLVDVE	ODF3[235-254]	9	4856	PTGGSRLASSSEVLASIENI	SPO11[35-54]
10	3534	FTCAILCYFNHKSFWSLILS	ODF4[194-213]	9	4857	AFDDIATYFSKKEWKKMKYS	SSX-1[24-43]
10	3535	VVLEAPFLVGIEGSLKGSTY	OIP5[113-132]	9	4858	WEKMKASEKIFYVYMKRKYE	SSX-2[37-56]
10	3536	EELDESYQKVIELFSVCTNE	PBK[284-303]	9	4859	WEKMKSSEKIVYVYMKLNYE	SSX-4[37-56]
10	3537	TDGGLFLLADVSHKVIRNDC	PIWIL2[370-389]	9	4860	NGDDAFVRRPRVGSQIPEKM	SSX-5[2-21]
10	3538	WPGFAISVSYFERKLLFSAD	PIWIL4[243-262]	9	4861	NEGTSSIVMEIQKQIEKKEK	TAF7L[384-403]
10	3539	NNDVCVHFHELHLGLGCPPN	PLAC1[45-64]	9	4862	AAVALVSSSAWSSALGSQTT	TAG-1[15-34]
10	3540	SPYLGQMINLRRLLLSHIHA	PRAME[253-272]	9	4863	IMLLERSIMAKEGPLKVAQT	TEKT5[374-393]
10	3541	GEVKRQIYVAAFTVQAAAET	PSMA[726-745]	9	4864	KDRTMNLQDIRYILKNDLKD	TEX14[497-516]
10	3542	DMNIYELIRGRRYPLSEKKI	RAGE-1[86-105]	9	4865	KDLRRHKIYGRKRRLTSQDS	TEX15[933-952]

[0542]

10	3543	PTPDNVLSAVTPELINLAGA	SAGE1[404-423]	9	4866	SEIELLRSQMANERISMQNL	TSGA10[548-567]
10	3544	VECTYISIDQVPRTYAIMIS	SCRN1[52-71]	9	4867	ESEQAALGEEAVLLLDDIMA	TSPY1[53-72]
10	3545	LCAALWILMKNPVLICLALS	SLCO6A1[372-391]	9	4868	DSFQDYIKSYLEQASRIWSW	TYR[458-477]
10	3546	DQRTLAAAAAAQQGFLFPPG	SOX-6[275-294]	9	4869	KIESQRIISGRISGYISEAS	ZNF165[201-220]
10	3547	IFYVYMKRKYEAMTKLGFKA	SSX-2[46-65]	10	4870	KLSQKFTKVNFTEIQKLVLD	AFP[242-261]
10	3548	DLPCVIESLRTLDKKTFYKT	TAF7L[155-174]	10	4871	DAMLRKLYNVMFAKKVPEHV	AKAP-3[375-394]
10	3549	VTLECFAFGNPVPRIKWRKV	TAG-1[257-276]	10	4872	EVDMLKIRSEFKRKYGKSLY	ANXA2[297-316]
10	3550	LVMTKCRLEHELAIKANTLC	TEKT5[443-462]	10	4873	PSRQTAIIVNPPPPEYINTK	BRDT[4-23]
10	3551	MGTPRIQHLLILLVLGASLL	TEX101[1-20]	10	4874	PAQLAAQMLGKVSSIHSDQS	CABYR[172-191]
10	3552	PKPHVSDHNRLLHLARPKAQ	THEG[290-309]	10	4875	TSKLQRLLAESRQMVTDLEL	CCDC62[631-650]
10	3553	VFKEAFHDISHCLKAQMEKI	TMEM31[100-119]	10	4876	LKTEENSFKRLMIVKKEKLA	CDCA1[334-353]
10	3554	QYFSDLFNILDTAIIVILLL	TPTE[152-171]	10	4877	SPPASNMLKMEWSREVTTNA	CRISP2[52-71]
10	3555	HREKFCYELTGEPLVCSMEG	TSP50[301-320]	10	4878	ALLARKQGAGDSLIAGSAMS	CT45[34-53]
10	3556	PEKDKFFAYLTLAKHTISSD	TYR[129-148]	10	4879	TLQTVHFTSEAVELQDMSLL	CTCFL[81-100]
10	3557	PYSSDNLYQMTSQLECMTWN	WT1[220-239]	10	4880	TDNNLAVYDLSRDILNNFPH	CXorf61[53-72]
10	3558	EIHTKEQILELLVLEQFLTI	ZNF165[81-100]	10	4881	LEGGHWLSEKRHRLQAIRDG	DKKL1[184-203]
11	3559	VLCSQPVSILSPNTLKEIEA	ACRBP[121-140]	10	4882	SVDSFQIVLDPMLDFYSDKN	FAM46D[172-191]
11	3560	GSNRNFSVWLGASVVAHLST	ACTL8[330-349]	10	4883	PNTKAEMEMSLAEELNHGRQ	FATE1[6-25]
11	3561	HHCHCNYLWDPPNCLIKGYG	ADAM29[640-659]	10	4884	FERIMKYERLARILLQEIPI	FBXO39[289-308]
11	3562	DEKQWHDVSVYLGLTNCPSS	CCDC62[457-476]	10	4885	PVKGYELAVTQHQQLAEIDI	FSIP1[306-325]
11	3563	SADKMQQLNAAHQEALMKLE	CDCA1[148-167]	10	4886	MAASALRGLPVAGGGESSES	GASZ[1-20]
11	3564	ARCMRRDFVKHLKKKLKRMI	CT45[170-189]	10	4887	RNRPGMLVLTPTRELALQVE	HAGE[314-333]
11	3565	CAYGTRYLDDLCVKILREDK	CT46[51-70]	10	4888	EMTKYHSDEYIKFLRSIRPD	HDAC2[64-83]
11	3566	GAGAAARAGEGLGLIQEAAS	CT47[175-194]	10	4889	QVNTDSETAVVNVTYSSKDQ	KOC1[112-131]
11	3567	CEKLNRFNSELVHEILCLEK	CTAGE2[101-120]	10	4890	SILKNLRRVHPVSTMVKGLY	LDHC[262-281]
11	3568	LEERLESIISGAALMADSSC	CTNNA2[303-322]	10	4891	LGFSPGPILPSTRKLYEKKL	LEMD1[19-38]
11	3569	ESIQFCFIWRAISITPVHKS	CXorf48[223-242]	10	4892	GSDPVRYEFLWGPRALAETS	MAGE-A8[266-285]
11	3570	RPPSVAPPPMVAEIPSAGTG	DBPC[186-205]	10	4893	EPRKLITQDLVKLKYLEYRQ	MAGE-B3[243-262]
11	3571	KATDSFHTELHPRVAFWIIK	DKKL1[154-173]	10	4894	PVSSSFSYTLLSLFQSSPER	MAGE-C1[446-465]
11	3572	SSFYQPSLFPYYNNLYNCPQ	DMRT1[211-230]	10	4895	NAPPAYEKLSAEQSPPPYSP	MART1[99-118]
11	3573	QKARCKIPALPLPTILPPIN	DPPA2[74-93]	10	4896	RAKRKLYTSEISSPIDISGQ	MPHOSPH1[1775-1794]
11	3574	IVVVVIAVVAGIVVLVISRK	EpCAM[272-291]	10	4897	AFSHTQVIELERKFSHQKYL	NKX3.1[130-149]
11	3575	QDIGACVALLSVRVYYKKCP	EPHA2[183-202]	10	4898	FKDPKRAMEAFNLVRESEQL	NLRP4[315-334]
11	3576	SYERRQILHLITMMALKVLG	FAM46D[315-334]	10	4899	STWQELILLSSLTVYSKQIF	NR6A1[322-341]
11	3577	VSKPFGMLMLSIWILLFVCY	FMR1NB[65-84]	10	4900	PKKPSAFKPAIEMQNSVPNK	NY-BR-1[461-480]
11	3578	QVKTIKELGGYVSNLRKICS	FTHL17[142-161]	10	4901	KNYEGMIDNYKSQVMKTRLE	ODF2[537-556]
11	3579	CGHLITAVQNVITELPVNSQ	GASZ[367-386]	10	4902	SIPQFPITSDSTISTLETPQ	PASD1[668-687]
11	3580	QDEKECLKYQVPLPDSMKLE	GATA-3[178-197]	10	4903	RSVPAGLTLQSVSPQSLQGK	PEPP2[595-614]
11	3581	GSLGPLLDGTATLRLVKRQV	gp100[452-471]	10	4904	RRSIAGFVASINEGMTRWFS	PIWIL1[641-660]
11	3582	GDVGNYYYGQGHPMKPHRIR	HDAC1[17-36]	10	4905	GSEGTVVQLLANHFRVISRP	PIWIL3[119-138]
11	3583	GDIGNYYYGQGHPMKPHRIR	HDAC2[18-37]	10	4906	FEGRTRYSRITGGMEAEVGE	PRSS55[59-78]
11	3584	PDVGNFHYGAGHPMKPHRLA	HDAC3[11-30]	10	4907	APRLAEYQAYIDFEMKIGDP	SART3[307-326]
11	3585	MTSQRSPLAPLLLLSLHGVA	IGFS11[1-20]	10	4908	ESKQLNVYEIKVNKLELELE	SCP-1[632-651]
11	3586	TNYNLFYWYEGLDHALQCVD	IL13RA2[167-186]	10	4909	GEVQNMLEGVGVDINKALLA	SCP3a[68-87]
11	3587	DAFKSDYFNMPVHMVPTELV	JARID1B[387-406]	10	4910	YESTSAHIIEETEYVKKIRT	se57-1[23-42]
11	3588	SVPLWSGVNVAGVALKTLDP	LDHC[197-216]	10	4911	IAKPNNAYEFGQIINALSTR	SPAG1[800-819]
11	3589	LLGDNQIMPKTGFLIIVLVM	MAGE-A1[182-201]	10	4912	STAHSRIRKERPISLGIFPL	SPAG9[190-209]
11	3590	GILILILSIIFIEGYCTPEE	MAGE-A10[225-244]	10	4913	QDIHVTRDVVKHHLSKSDLL	SPATA19[81-100]
11	3591	HPRKLLMQDLVQENYLEYRQ	MAGE-A2[241-260]	10	4914	DVLDRHRESLLAALRRGGRE	SPO11[14-33]
11	3592	VFGIELMEVDPIGHLYIFAT	MAGE-A3[161-180]	10	4915	DNDHNRRIQVEHPQMTFGRL	SSX-1[85-104]
11	3593	LLGNNQIFPKTGLLIIVLGT	MAGE-A4[190-209]	10	4916	FGRLQGIFPKIMPKKPAEEG	SSX-3[101-120]
11	3594	FGIELMEVDPIGHVYIFATC	MAGE-A6[162-181]	10	4917	HRLRERKQLVVYEEISDPEE	SSX-4[166-185]
11	3595	RYFPVIFGKASEFMQVIFGT	MAGE-A9[144-163]	10	4918	QIPEKMQKAFDDIAKYFSEK	SSX-5[16-35]
11	3596	KSGLLMSLLVVIFMNGNCAT	MAGE-B6[284-303]	10	4919	KIEDLMEMVQKLQKVGSLEP	SYCE1[32-51]
11	3597	LQGEEFQSSLQSPVSICSSS	MAGE-C1[616-635]	10	4920	TADELRMISSTFLNLPFQGI	TDRD1[807-826]
11	3598	KHLCYCLYRPRKYLYVTSSF	MORC1[262-281]	10	4921	RITIGTLFSVLHERRSQFPV	TEX14[328-347]
11	3599	LVLVCVLVALAIVYLIALAV	MUC-1[1164-1183]	10	4922	FRQPIFSQYASHQPLPQATY	TEX15[2742-2761]
11	3600	EVLAGLLTNNKKLTYLNVSC	NLRP4[741-760]	10	4923	RRQLDETNDELAQIARERDI	TSGA10[330-349]
11	3601	DMYIVQKYISNPLLIGRYKC	NYD-TSPG[235-254]	10	4924	TPESAPEELLAVQVELEPVN	TSPY1[104-123]
11	3602	DHRQLQLSISSCLQQLSLLM	NY-ESO-1[141-160]	11	4925	AYPEKMRNRVLLELNSADLD	5T4[324-343]
11	3603	DPCNPCYPCGSRFSCRKMIL	ODF1[231-250]	11	4926	DVAFLLVYREKSNYVGATFQ	ADAM2[264-283]
11	3604	VMKTRLEADEVAAQLERCDK	ODF2[550-569]	11	4927	LQTMKQEFLINLVKQKPQIT	AFP[545-564]
11	3605	CSPGPRYNVNPKILRTGKDL	ODF3[64-83]	11	4928	YDSDSWAEDLIVSALLLIQY	AKAP-3[518-537]
11	3606	TSAHVMSMGLLHFYKSRSCS	ODF4[126-145]	11	4929	KEFADSISKGLMVYANQVAS	AKAP-4[323-342]
11	3607	QGQRGHTSMKAVYVEPAAAA	PASD1[213-232]	11	4930	AQRQDIAFAYQRRTKKELAS	ANXA2[66-85]
11	3608	VSHKVIRNDCVLDVMHAIYQ	PIWIL2[380-399]	11	4931	YNPPDHEVVTMARMLQDVFE	BRDT[351-370]
11	3609	DTVQRLTYCLCHMYYNLPGI	PIWIL3[827-846]	11	4932	EYSDKTTQFPSVYAVPGTEQ	CABYR[114-133]
11	3610	SAGSGQSPMTVLCSIDWFMV	PLAC1[18-37]	11	4933	KEAQEQEFLSLQEEFQKLEK	CAGE1[477-496]
11	3611	LLFSVLLLLSLVTGTQLGPR	PRSS55[2-21]	11	4934	TQYDLSEFENIGAIGLELWQ	CALR3[287-306]
11	3612	STAPPWLRHMAAAGISSTIT	SAGE1[646-665]	11	4935	NKHNELRKAVSPPASNMLKM	CRISP2[42-61]
11	3613	PAEVGDLFYDCVDTEIKFFK	SCRN1[395-414]	11	4936	SVRSRLYVGREKKLALMLSG	cTAGE5[65-84]
11	3614	PIYLENQFILTPTVATTLAG	SLCO6A1[407-426]	11	4937	DSKLAVSLAETTGLIKLEEE	CTCFL[166-185]
11	3615	GDNYPVQFIPSTMAAAAASG	SOX-6[300-319]	11	4938	SGLINSNTDNNLAVYDLSRD	CXorf61[46-65]
11	3616	AQNGCLYVHSSVAQWRKCLH	SPAG9[976-995]	11	4939	HKDWIFSIAWISDTMAVSGS	DCAF12[183-202]
11	3617	NDISCMLKVSRRSLHILSTS	SPO11[155-174]	11	4940	LVIAEMMELGSRSRGASQKK	FATE1[32-51]
11	3618	ISYVYMKRNYKAMTKLGFKV	SSX-1[46-65]	11	4941	EDYFSHHLAVYNSPQFKKTM	FBXO39[201-220]

[0543]

11	3619	VMTKLGFKVTLPPFMRSKRA	SSX-4[57-76]	11	4942	STEPGSFKVDTASNLNSGKE	FSIP1[35-54]
11	3620	IIYVYMKRKYEAMTKLGFKA	SSX-5[46-65]	11	4943	KMEEKYQLTARLNMEQLLQS	Glypican-3[76-95]
11	3621	EILSKKQETLRILRLHCQEK	SYCE1[100-119]	11	4944	IPEELVSMAERFKAHQQKRE	HAGE[613-632]
11	3622	ISNPGLFTSLGPPLRSTTCH	TDRD1[152-171]	11	4945	QDTDTKITISPLQELTLYNP	KOC1[304-323]
11	3623	LIIKAGTETAILATKGCIPE	TEX101[65-84]	11	4946	AAYNKLLNNNLSLKYSQTGY	KU-CT-1[542-561]
11	3624	ATSREFTNAYKLPLAVGPPS	TEX14[779-798]	11	4947	LDGAQDSDDSEELNIILQGN	LEMD1[58-77]
11	3625	QRFRGMLWFDLSLLPELVQC	TEX15[2086-2105]	11	4948	DGSFSFKLLNQLGMIEEPRL	LIPI[373-392]
11	3626	HLFALSTLYFYKFFLPTILS	TMEM31[126-145]	11	4949	LLTQNWVQEKYLVYRQVPGT	MAGE-A11[358-377]
11	3627	PSSRPRLLWQTPTTQTLPST	TSP50[66-85]	11	4950	EEQETASSSSTLVEVTLREV	MAGE-A12[34-53]
11	3628	NLNSHLIRHQRIHTREKPYE	ZNF165[410-429]	11	4951	VAELVRFLLRKYQIKEPVTK	MAGE-A8[116-135]
12	3629	NRKVSRMRCLQNETYSALSP	ACRBP[501-520]	11	4952	LNGASRRLELVFGLDLKEDN	MAGE-B1[150-169]
12	3630	QRVAPEMFFSPQVFEQPGPS	ACTL8[252-271]	11	4953	NSATEEEIWEFLNMLGVYDG	MAGE-B2[216-235]
12	3631	YVGKFLLQIPRATIIYANIS	ADAM2[549-568]	11	4954	SKMKVLEFWAKVNKTVPSAF	MAGE-B3[284-303]
12	3632	LLHCLGVFLSCSGHIQDEHP	ADAM29[6-25]	11	4955	FRKVSQRTELVFGLALKEVN	MAGE-B4[151-170]
12	3633	LAVSVILRVAKGYQELLEKC	AFP[365-384]	11	4956	PHSSPPYYEFLWGPRAHSES	MAGE-C2[290-309]
12	3634	CPGSTMGYMAQSTQYEKCGG	AKAP-4[570-589]	11	4957	QKFGDFLQHSPSILQSKAKK	MPHOSPH1[1731-1750]
12	3635	QQDTKGDYQKALLYLCGGDD	ANXA2[320-339]	11	4958	HQKYLSAPERAHLAKNLKLT	NKX3.1[145-164]
12	3636	MISSKPRLVVPYGLKTLLEG	CABYR[1-20]	11	4959	SDEGMEVIERLIYLYHKFHQ	NR6A1[362-381]
12	3637	LIHCSGEMLKFTEKSLAKSI	CAGE1[193-212]	11	4960	PSLSQEQQEMVQAFSAQSGM	NXF2[566-585]
12	3638	ILHFKNKYHENKKLIRCKVD	CALR3[147-166]	11	4961	IEVHNKASLTPLLLSITKRS	NY-BR-1[109-128]
12	3639	LNFNVENSQELIQMYDSKME	CCDC62[299-318]	11	4962	LKEKIVLTHNRLKSLMKILS	OIP5[199-218]
12	3640	GDCEGVIFEGEPMYLNVGEV	CT46[196-215]	11	4963	MQKLGFGTGVNVYLMKRSPR	PBK[35-54]
12	3641	GFVPPPLAPIRGLLFPVDTR	CTAGE2[659-678]	11	4964	YNVTSDYAVHPMSPVGRTSR	PEPP2[128-147]
12	3642	PGFVPPPLAPIRGPLFPVDA	cTAGE5[689-708]	11	4965	VGQSIHREPNLSLSNRLYYL	PIWIL1[842-861]
12	3643	GCGIHAIELNPSRTLLATGG	DCAF12[140-159]	11	4966	VAGSMGFNVDYPKIIKVQEN	PIWIL4[509-528]
12	3644	LQFHAGQAWVPTTHRRMISL	DPPA2[241-260]	11	4967	NLRRLLLSHIHASSYISPEK	PRAME[261-280]
12	3645	KFITSILYENNVITIDLVQN	EpCAM[179-198]	11	4968	EENSRLLQERGVAYINADSS	PSMA[436-455]
12	3646	TWDQVITLDQVLDEVIPIHG	FAM46D[10-29]	11	4969	KRRGPAYVMELPKLKLSGVV	RAGE-1[339-358]
12	3647	YFKIWAFLDVSFVERILKSQ	FBXO39[370-389]	11	4970	QVISVTFEKALNAGFIQATD	SART3[397-416]
12	3648	ISLILVCLPIYCRSLFWRSE	FMR1NB[193-212]	11	4971	DSDPALQKVNFLPVLEQVGN	SCP-1[63-82]
12	3649	SNLRKICSPEAGLAEYLFDK	FTHL17[154-173]	11	4972	DVIEGKTAVIEKRRKKRSSA	SCP3a[41-60]
12	3650	AARDGHTQVVALLVAHGAEV	GASZ[156-175]	11	4973	EAQNKELKTQVALSSETPRT	se57-1[289-308]
12	3651	RDGTGHYLCNACGLYHKMNG	GATA-3[277-296]	11	4974	DLNKVILLDPSIIEAKMELE	SPAG1[713-732]
12	3652	RLAQSYLKEPMIVYVGTLDL	HAGE[436-455]	11	4975	DIMRDRIEQVRRSISRLTDV	SPATA19[134-153]
12	3653	LPYSEYFEYFAPDFTLHPDV	HDAC3[323-342]	11	4976	PNRGNQVERPQMTFGRLQGI	SSX-2[88-107]
12	3654	IFCIALILGAFFYWRSKNKE	IGFS11[255-274]	11	4977	AQIPEKIQKAFDDIAKYFSK	SSX-3[15-34]
12	3655	DLNKGIEAKIHTLLPWQCTN	IL13RA2[96-115]	11	4978	KDKLKIDLLPDGRHAVVEVE	TAF7L[126-145]
12	3656	LYALPCVLSQTPLLKDLLNR	JARID1B[849-868]	11	4979	DFSTKSVFSKFAQLNLAAED	TAG-1[214-233]
12	3657	PCDLPLRLLVPTQFVGAIIG	KOC1[193-212]	11	4980	LQVRGAEASRLWASRLTDDS	TEKT5[100-119]
12	3658	WLIHGYRPVGSIPLWLQNFV	LIPI[99-118]	11	4981	EDIPEISRLSISQKLPSTTM	THEG[97-116]
12	3659	EEGPSTSCILESLFRAVITK	MAGE-A1[85-104]	11	4982	MDVLLRVFVERRQQYFSDLF	TPTE[139-158]
12	3660	PQSAQIACSSPSVVASLPLD	MAGE-A10[84-103]	11	4983	DDERMEQMSNMTLMKETIST	TSGA10[155-174]
12	3661	CIPEEVMWEVLSIMGVYAGR	MAGE-A11[328-347]	11	4984	YEVEAYRRRHHNSSLNFFNW	TSPY1[241-260]
12	3662	MVELVHFLLLKYRAREPVTK	MAGE-A2[113-132]	11	4985	FLLHHAFVDSIFEQWLRRHR	TYR[386-405]
12	3663	EFQAALSRKVAELVHFLLLK	MAGE-A3[104-123]	11	4986	GATLKGVAAGSSSSVKWTEG	WT1[244-263]
12	3664	FPDIFSKASECMQVIFGIDV	MAGE-A8[150-169]	12	4987	DERQNRSFEGMVVAALLAGR	5T4[188-207]
12	3665	RRKLLMPLLGVIFLNGNSAT	MAGE-B2[200-219]	12	4988	QKATDIMDAMLRKLYNVMFA	AKAP-3[368-387]
12	3666	NCAREEEIWEFLNMLGIYDG	MAGE-B4[213-232]	12	4989	ELEHLQTVKNISPLQILPPS	BRDT[743-762]
12	3667	AYAETTKMRVLRVLADSSNT	MAGE-B6[363-382]	12	4990	QEKRGAVYERVTTINQEIQK	CDCA1[381-400]
12	3668	LGLSNIKFRPGSVVVQLTLA	MUC-1[1087-1106]	12	4991	QLQVQREIVNKHNELRKAVS	CRISP2[33-52]
12	3669	DRFLYTFYFCCRELRELPPT	NLRP4[180-199]	12	4992	MMQKPGSNAPVGGNVTSSFS	CT45[84-103]
12	3670	MSVPPHYQYIPHLFSYSGHS	NR6A1[217-236]	12	4993	QLLAERTKEQLFFVETMSGD	CTCFL[190-209]
12	3671	LRHTPYSIRCERRMKWHSED	NXF2[76-95]	12	4994	ADMADVMRLLSHLKIVEEAL	CTNNA2[141-160]
12	3672	LLWKKIHRMVILTILAIAPS	NYD-TSPG[340-359]	12	4995	VEEDKPHYGLRAIKVDVVPR	CXorf48[80-99]
12	3673	RRDIKKVDRELRQLRCIDEF	ODF1[12-31]	12	4996	SMVENKLVELEHTLLSKGFR	CXorf61[85-104]
12	3674	LPFQWRITHSFRWMAQVLAS	ODF4[66-85]	12	4997	VPPPRFRPRYRRPFRPRPRQ	DBPC[272-291]
12	3675	LQEPCVAFNQQQLVQQEQHL	PASD1[470-489]	12	4998	KMTDNKTGEVLISENVVASI	DKKL1[108-127]
12	3676	LSHSPWAVKKINPICNDHYR	PBK[56-75]	12	4999	PQYSMALAADSASGEVGNPL	DMRT1[229-248]
12	3677	TYKLCHIYYNWPGVIRVPAP	PIWIL1[812-831]	12	5000	GVPFRTVSEWLESIKMQQYT	EPHA2[903-922]
12	3678	CKYAHKLAFLSGHILHHEPA	PIWIL2[944-963]	12	5001	VAQTSLEEFNVLEMEVMRRQ	FATE1[121-140]
12	3679	SEKILMQDHICQPVSAADWS	PIWIL4[451-470]	12	5002	KHNQDFIKRNIELAKESRNP	FSIP1[249-268]
12	3680	CKKLKIFAMPMQDIKMILKM	PRAME[210-229]	12	5003	ARRDLKVFGNFPKLIMTQVS	Glypican-3[201-220]
12	3681	EGNYTLRVDCTPLMYSLVHN	PSMA[457-476]	12	5004	SYTWDFGDSSGTLISRALVV	gp100[257-276]
12	3682	TVPPAFINMAATGVSSMSTR	SAGE1[600-619]	12	5005	PYNDYFEYFGPDFKLHISPS	HDAC1[329-348]; HDAC2[330-349]
12	3683	RNCPWTVALWSRYLLAMERH	SART3[373-392]	12	5006	RQQTDMAVNWAGGLHHAKKS	HDAC2[127-146]
12	3684	GVRCICSQLSLTTKMDAEHP	SCRN1[183-202]	12	5007	LQEPSDLRAVLLINSKSYVS	KU-CT-1[592-611]
12	3685	TLIFSGFSGVPIVLAMTRVV	SLCO6A1[588-607]	12	5008	GETRLALVQRNVAIMKSIIP	LDHC[103-122]
12	3686	AAAQQGFLFPPGITYKPGDN	SOX-6[283-302]	12	5009	AREPFTKAEMLGSVIRNFQD	MAGE-A12[126-145]
12	3687	SKAERFKMMLTLISKGQKEL	SPAG1[877-896]	12	5010	DGREHTVYGEPRKLLTQDWV	MAGE-A4[233-252]
12	3688	RYDEEVVKELMPLVVAVLEN	SPAG9[41-60]	12	5011	AEMLESVIKNYKRYFPVIFG	MAGE-A9[132-151]
12	3689	SFEAHHLTVPAIRWLGLLPS	SPO11[297-316]	12	5012	ETTKMKVLEFLAKMNGATPR	MAGE-B1[279-298]
12	3690	HNRRIQVEHPQMTFGRLHRI	SSX-1[88-107]	12	5013	LKKPQRALSTTTSVDVSYKK	MAGE-B3[62-81]
12	3691	PNRGNQVEHPQMTFGRLQGI	SSX-5[88-107]	12	5014	LQIPVSPSSSSTLLSLFQSF	MAGE-C1[233-252]
12	3692	KDLGEARTICEALQKELDSL	SYCE1[72-91]	12	5015	KDYFPVILKRAREFMELLFG	MAGE-C2[175-194]
12	3693	TPWMDYEFRVIASNILGTGE	TAG-1[676-695]	12	5016	LKSGSMRIGKDFILFTKKEE	MORC1[103-122]

[0544]

12	3694	LRLRETQDTLQLLVMTKCRL	TEKT5[431-450]	12	5017	EENIGILPRTLNVLFDSLQE	MPHOSPH1[166-185]
12	3695	FCNDKDSLSQFWEFSETTAS	TEX101[113-132]	12	5018	RAHLAKNLKLTETQVKIWFQ	NKX3.1[154-173]
12	3696	EHSSKLRHPYLLQLMAVCLS	TEX14[297-316]	12	5019	SLVEKTPDEAASLVEGTSDK	NY-BR-1[263-282]
12	3697	QRILTVDSFAASSTVPHCEQ	TEX15[1357-1376]	12	5020	FKLENERLKASFAPMEDKLN	ODF2[504-523]
12	3698	IPRSSLEYRASSRLKELAAP	THEG[219-238]	12	5021	KASQPSFSIKGRSKLGGFSD	ODF3[155-174]
12	3699	PTILSLSFFILLVLLLLFI	TMEM31[141-160]	12	5022	DQASFTTSMEWDTQVVKGSS	OIP5[29-48]
12	3700	LVDVVYIFFDIKLLRNIPRW	TPTE[171-190]	12	5023	TEADRVIQRTNSMQQLEQWI	PEPP2[399-418]
12	3701	PEAVARRWPWMVSVRANGTH	TSP50[117-136]	12	5024	DVSHKLLRIETAYDFIKRTS	PIWIL3[283-302]
12	3702	QALVCASAKEGTAFRMEAVQ	TSPY1[27-46]	12	5025	QEAQPLQPSHFLDISEDWSL	PLAC1[184-203]
12	3703	EAPAFLPWHRLFLLRWEQEI	TYR[203-222]	12	5026	LTSPSMEIKEVASIILHKDF	PRSS55[129-148]
12	3704	RNQGYSTVTFDGTPSYGHTP	WT1[145-164]	12	5027	YDPDERIAAHQALQHPYFQE	RAGE-1[268-287]
12	3705	CSECGRAFSQSSNLSQHQRI	ZNF165[458-477]	12	5028	FVPPRSSSSQVSAVKPQTLG	SCP-1[10-29]
13	3706	MNPEAIHFSGVKIFSNCSFE	ADAM2[338-357]	12	5029	RKRLEMYTKASLKTSNQKIE	SCP3a[89-108]
13	3707	TMRSGFMQNEITCRMEFEEI	ADAM29[161-180]	12	5030	NLVQRMEKEKRTLLERKLSL	se57-1[193-212]
13	3708	SILDSYQCTAEISLADLATI	AFP[30-49]	12	5031	EQVRRSISRLTDVSAQDFSM	SPATA19[141-160]
13	3709	GDLENAFLNLVQCIQNKPLY	ANXA2[250-269]	12	5032	PNRGNQVQRPQMTFGRLQGI	SSX-3[88-107]
13	3710	LQCSNLYLEKRVKELQMKIT	CAGE1[326-345]	12	5033	KQKNEKLISLQEQLQRFLKK	TAF7L[443-462]
13	3711	LYPNPKPEVLHMIYMRALQI	CDCA1[36-55]	12	5034	IISDVLIDEHLVLKSASPHK	TDRD1[883-902]
13	3712	CGIAYCPNQDSLKYYYVCQY	CRISP2[150-169]	12	5035	DKKSENIASLGESLAMKEKT	TSGA10[278-297]
13	3713	VTSRLYVRREKKFAVALSGL	CTAGE2[36-55]	13	5036	LADLSPFAFSGSNASVSAPS	5T4[154-173]
13	3714	CFRQKQLLNAHFRKYHDANF	CTCFL[522-541]	13	5037	SPNTLKEIEASAEVSPTTMT	ACRBP[131-150]
13	3715	GVKLVRMAATQIDSLCPQVI	CTNNA2[444-463]	13	5038	IERGRILNWEGVQYLWSFVL	ACTL8[67-86]
13	3716	SFCGDYGMIDESIYFSSDVV	CXorf48[45-64]	13	5039	PPSKKSFFYKEVFESRNGDY	AKAP-3[234-253]
13	3717	ATVPATAAGVVAVVVPVPAG	DBPC[16-35]	13	5040	DIMEAMLKRLVSALIGEEKE	AKAP-4[421-440]
13	3718	VVHGRLLSADTKGWVRLQFH	DPPA2[225-244]	13	5041	DEIEIDFETLKASTLRELEK	BRDT[550-569]
13	3719	MAPPQVLAFGLLLAAATATF	EpCAM[1-20]	13	5042	KTTSGMSKKSVESVKLAQLE	CABYR[350-369]
13	3720	GMTKYDYLMTLHGVVNESTV	FAM46D[292-311]	13	5043	QDWEKHFLDASTSKQSDWNG	CALR3[226-245]
13	3721	VLTKKFQVTMRGLLSCLSKS	FBXO39[103-122]	13	5044	EKQDYKQKLKALKIEVNKLK	CCDC62[204-223]
13	3722	RAMRVAHLELATYELAATES	FMR1NB[17-36]	13	5045	ESPDLSISHSQVEQLVNKTS	CT46[306-325]
13	3723	PASSSSLSGGHASPHLFTFP	GATA-3[135-154]	13	5046	TLEGERNQIYIQLSEVDKTK	cTAGE5[328-347]
13	3724	LQVTRIFLQALNLGIEVINT	Glypican-3[223-242]	13	5047	SRDILNNFPHSIARQKRILV	CXorf61[63-82]
13	3725	FYTTDRVMTVSFHKYGEYFP	HDAC1[187-206]; HDAC2[188-207]	13	5048	VVDVQTSQITKIPILKDREP	DCAF12[114-133]
13	3726	NANIPSIYANGTHLVPGQHK	IGFS11[351-370]	13	5049	EVLISENVVASIQPAEGSFE	DKKL1[116-135]
13	3727	VIFVTGLLLRKPNTYPKMIP	IL13RA2[355-374]	13	5050	GISHPIPLPSAAELLVKREN	DMRT1[132-151]
13	3728	ENDQVVVKITGHFYACQVAQ	KOC1[531-550]	13	5051	DLAPDTTYLVQVQALTQEGQ	EPHA2[496-515]
13	3729	IQSAYEIIKLKGYTSWAIGL	LDHC[235-254]	13	5052	KAAGSASAKRVWNMTATRPK	FATE1[57-76]
13	3730	FNTQKKTVWLIHGYRPVGSI	LIPI[91-110]	13	5053	SKTLGIGRLKRPSFLDDPLY	FSIP1[524-543]
13	3731	EALNMMGLYDGMEHLIYGEP	MAGE-A10[248-267]	13	5054	EAGLAEYLFDKLTLGGRVKE	FTHL17[163-182]
13	3732	KVLHHLLKISGGPHISYPPL	MAGE-A12[285-304]	13	5055	PVNSQKITLEWASPQNFTSV	GASZ[382-401]
13	3733	EQQTASSSSTLVEVTLGEVP	MAGE-A2[35-54]	13	5056	MEVTVYHRRGSRSYVPLAHS	gp100[184-203]
13	3734	AEMLGSVVGNWQYFFPVIFS	MAGE-A3[133-152]; MAGE-A6[133-152]	13	5057	KALENFKTGKVRILIATDLA	HAGE[528-547]
13	3735	WEAGMLMHFILRKYKMREPI	MAGE-B1[110-129]	13	5058	QNSRQYLDQIRQTIFENLKM	HDAC3[349-368]
13	3736	VVFGLELNKVNPNGHTYTFI	MAGE-B2[162-181]	13	5059	SIPVHLNSLPRLETLVAEVQ	JARID1B[1048-1067]
13	3737	LCNDVLAMKRSSSLPSWKSL	MORC1[757-776]	13	5060	THEDKIVRRNATMIFGILAS	KU-CT-1[77-96]
13	3738	MTPGTQSPFFLLLLLTVLTV	MUC-1[1-20]	13	5061	APEEEIWEELSVMEVYDGRE	MAGE-A1[209-228]
13	3739	AELFALLCRLADELLFRQIA	NR6A1[281-300]	13	5062	TVRPADLTRVIMPLEQRSQH	MAGE-A11[100-119]
13	3740	HENENYLLHENCMLKKEIAM	NY-BR-1[1038-1057]	13	5063	PVIFGKASESLKMIFGIDVK	MAGE-A4[149-168]
13	3741	SQALGSLRTTTPAFTLNIPS	NYD-TSPG[12-31]	13	5064	TKAEMLESVIKNYKNHFPDI	MAGE-A8[134-153]
13	3742	ENRYDCLGSKKYSYMNICKE	ODF1[155-174]	13	5065	EPRKLLTQDWVQENYLEYRQ	MAGE-A9[240-259]
13	3743	RTKAFRVDSTPGPAAYMLPM	ODF3[127-146]	13	5066	QSRTDPLIMKTNMLVQFLME	MAGE-B3[105-124]
13	3744	KVTFIFSTLMLFPINIWIFE	ODF4[151-170]	13	5067	TTAMTSAYSRATSSSSQPM	MAGE-B4[327-346]
13	3745	KSSQRKLNWIPSFPTYDYFN	PASD1[15-34]	13	5068	EYKPYFPQILNRTSQHLVVA	MAGE-B6[228-247]
13	3746	MARGLKYLHQEKKLLHGDIK	PBK[150-169]	13	5069	PLQSPVISFSSSTSLSPFSE	MAGE-C1[850-869]
13	3747	FVASINLTLTKWYSRVVFQM	PIWIL2[760-779]	13	5070	EEEEEASSASSTLYLVFSPS	MAGE-C2[34-53]
13	3748	MSLKGHLQSVTAPMGITMKP	PIWIL3[523-542]	13	5071	KKIIETMSSSKLSNVEASKE	MPHOSPH1[1749-1768]
13	3749	PSLSHCSQLTTLSFYGNSIS	PRAME[400-419]	13	5072	LSSELGDLEKHSSLPALKEE	NKX3.1[184-203]
13	3750	VLPGLTYLTVAGIPAMSTRD	SAGE1[554-573]	13	5073	KFKEHLKQMTLQLELKQIPW	NLRP4[25-44]
13	3751	FIDENVATHSAGIYLGIAEC	SLCO6A1[253-272]	13	5074	SETLKHLVLQFLQQYYSIYD	NXF2[385-404]
13	3752	CWPTGGATVAEARVYRDARG	SOX-6[594-613]	13	5075	ELSKSMESMRGHLQAQLRSK	ODF2[337-356]
13	3753	KEACAHLLAITAPKDLPMFL	SPAG1[822-841]	13	5076	IVNASEMDIQNVPLSEKIAE	OIP5[179-198]
13	3754	AGSIYREFERLIGRYDEEVV	SPAG9[28-47]	13	5077	YSPQRTYRSEVSSPIQRGDV	PEPP2[556-575]
13	3755	YVYMKRKYEAMTKLGFKAIL	SSX-3[48-67]	13	5078	LQFYNIIFRRLLKIMNLQQI	PIWIL1[209-228]
13	3756	IKATKPLLMEQYCSIKIVDI	TDRD1[396-415]	13	5079	DYPKIIKVQENPAAFVRAIQ	PIWIL4[518-537]
13	3757	KCCGLTSLPAVQAPVIQECY	TEKT5[17-36]	13	5080	LYSEELFPEELSVVLGTNDL	PRSS55[110-129]
13	3758	EVKGCTAMIGCRLMSGILAV	TEX101[181-200]	13	5081	SFDSLFSAVKNFTEIASKFS	PSMA[628-647]
13	3759	ILKKGIYVDAVNSLGQTALF	TEX14[42-61]	13	5082	YVMELPKLKLSGVVRLSSYS	RAGE-1[345-364]
13	3760	PTLRSLLWYDETLYAELLGK	TEX15[1714-1733]	13	5083	AIVEAARLEKVHSLFRRQLA	SART3[237-256]
13	3761	KRYVAYFAQVKHLYNWNLPP	TPTE[391-410]	13	5084	EETRQVYMDLNNNIEKMITA	SCP-1[205-224]
13	3762	PRTSAPSRAGALLLLLLLLR	TSP50[14-33]	13	5085	LQQSRIVQSQRLKTIKQLYE	SCP3a[161-180]
13	3763	YRVPERLRQGFCGVGRAAQA	TSPY1[9-28]	13	5086	DRDEAWVLETIGKYWAAEKV	SCRN1[161-180]
13	3764	LAVLYCLLWSFQTSAGHFPR	TYR[3-22]	13	5087	KQEDSKQLLQVNKLEKEQKL	se57-1[148-167]
14	3765	YASWFESFCQFTHYRCSNHV	ACRBP[96-115]	13	5088	FLPITSSDIDVVESEAVSVL	SPATA19[20-39]
14	3766	MAARTVIIDHGSGFLKAGTA	ACTL8[1-20]	13	5089	ADSKMKAEIQALTFLSSDYL	SPO11[362-381]
14	3767	SKPMRWPFFLFIPFFIIFCV	ADAM2[682-701]	13	5090	LQIEEEKNKQRQLRLAFEEQ	SYCE1[142-161]

[0545]

14	3768	NIVDSILDVIGVKVLLFGLE	ADAM29[230-249]	13	5091	GSIPGFLISSGMSSHKQGHT	TAF7L[295-314]
14	3769	LTSSELMAITRKMAATAATC	AFP[442-461]	13	5092	TDGRHFVSQTTGNLYIARTN	TAG-1[179-198]
14	3770	TNSLQKQLQAVLQWIAASQF	AKAP-4[767-786]	13	5093	EDTTLTITVPAVSRRVEELS	THEG[179-198]
14	3771	ASALKSALSGHLETVILGLL	ANXA2[84-103]	13	5094	ENELDSAHSEIELLRSQMAN	TSGA10[540-559]
14	3772	NGKSQYYIMFGPDICGFDIK	CALR3[123-142]	13	5095	IQDVRRVPGVAPTLVRSASE	WT1[297-316]
14	3773	KALESNQMECQTALQKTQLQ	CCDC62[94-113]	13	5096	EHGQEIFQKKVSPPGPALNV	ZNF165[142-161]
14	3774	PRYNVAEIVIHIRNKILTGA	CDCA1[7-26]	14	5097	GYHYRYEINADPRLTNLSSN	5T4[398-417]
14	3775	SREVTTNAQRWANKCTLQHS	CRISP2[64-83]	14	5098	MDTSTDPVRVLSWLRRDLEK	AKAP-3[32-51]
14	3776	EHQSLVLVKRLLAVSVSCIT	CT46[23-42]	14	5099	PNHHQLAFNYQELEHLQTVK	BRDT[732-751]
14	3777	GTGVQSTFTTFYEVDCDVID	CTNNA2[810-829]	14	5100	DQAPEVTLQADIEVMSTVHI	CABYR[274-293]
14	3778	IHTEEVCITSVHGRNGVIDY	CXorf48[175-194]	14	5101	SDEAKSIRDVPTLLGAKLDK	CAGE1[674-693]
14	3779	FYLLLASSILCALIVFWKYR	CXorf61[3-22]	14	5102	SKSLKSQVAEAKMTFKRFQA	CTAGE2[150-169]
14	3780	RNYFSDIDFFPNAVYTHCYD	DCAF12[408-427]	14	5103	AEAKMTFKIFQMNEERLKIA	cTAGE5[188-207]
14	3781	QASGVRWCVVHGRLLSADTK	DPPA2[217-236]	14	5104	AFQDSVLEEEVELVLAPSEE	CTCFL[55-74]
14	3782	GIAAGMKYLANMNYVHRDLA	EPHA2[722-741]	14	5105	PQRPRNRPYFQRRRQQAPGP	DBPC[316-335]
14	3783	LHLITMMALKVLGELNILPN	FAM46D[322-341]	14	5106	LFSAPMDFRGLPGNYHKEEN	DKKL1[71-90]
14	3784	LIIAVLVSASIANLWLWMNQ	FATE1[164-183]	14	5107	VENTPDLVSDSTYYSSFYQP	DMRT1[197-216]
14	3785	LPIYCRSLFWRSEPADDLQR	FMR1NB[200-219]	14	5108	TVNGEQLDLDPGQTLIYYVD	EpCAM[234-253]
14	3786	YTSYLYLSMAFYFNRDDVAL	FTHL17[30-49]	14	5109	KYRKLIESELSYFVIVYSVM	FBXO39[423-442]
14	3787	VSTWNSRILKRTAITICGFG	GASZ[443-462]	14	5110	DIEDVTPVFPQLSRSIISKL	FSIP1[433-452]
14	3788	RAMLGTHTMEVTVYHRRGSR	gp100[176-195]	14	5111	SSFNPAALSRHMSSLSHISP	GATA-3[390-409]
14	3789	KIKNIQSTTNTTIQIIQEQP	HAGE[89-108]	14	5112	EAFEIVVRHAKNYTNAMFKN	Glypican-3[113-132]
14	3790	EAIFKPVMSKVMEMFQPSAV	HDAC1[238-257]	14	5113	GEARLREMEALQSLRLANEG	JARID1B[1146-1165]
14	3791	FCSRYTGASLQGATQLNNKI	HDAC3[103-122]	14	5114	GGLKKLLSFAENSTIPDIQK	KU-CT-1[274-293]
14	3792	MPATNVSIFINNTQLSDTGT	IGFS11[98-117]	14	5115	GSDPRSFPLWYEEALKDEEE	MAGE-A10[320-339]
14	3793	WEGEDLSKKTLLRFWLPFGF	IL13RA2[331-350]	14	5116	REDSGDFGLQVSTMFSEDDF	MAGE-A11[23-42]
14	3794	SMNLQAHLIPGLNLNALGLF	KOC1[357-376]	14	5117	APEEKIWEELSMLEVFEGRE	MAGE-A2[216-235]
14	3795	VIGSGCNLDSARFRYLIGEK	LDHC[158-177]	14	5118	KASSSLQLVFGIELMEVDPI	MAGE-A3[153-172]
14	3796	LETNCNFISFPCRSYKDYKT	LIPI[285-304]	14	5119	AASSSSTLIMGTLEEVTDSG	MAGE-A8[38-57]
14	3797	PARYEFLWGPRALAETSYVK	MAGE-A1[259-278]	14	5120	EEPSSSVDPAQLEFMFQEAL	MAGE-A9[89-108]
14	3798	CAPEEKIWEELSVLEASDGR	MAGE-A12[215-234]	14	5121	GEPRKFITQDLVQEKYLKYE	MAGE-B1[239-258]
14	3799	ELVTKAEMLERVIKNYKRCF	MAGE-A4[129-148]	14	5122	AETSKMKVLEFLAKVNGTTP	MAGE-B2[281-300]
14	3800	VAKLVHFLLLKYRAREPVTK	MAGE-A6[113-132]	14	5123	NSNPARYEFLWGPRAHAETS	MAGE-B3[265-284]
14	3801	AGARPRVAARRGTTAMTSAY	MAGE-B4[315-334]	14	5124	PHLYEDALIDEVERALRLRA	MAGE-B6[388-407]
14	3802	EEVIWEVLNAVGVYAGREHF	MAGE-C2[246-265]	14	5125	SDEQGMSQNRLLILILSIIF	MAGE-C1[989-1008]
14	3803	KCGTLLVIYNLKLLLNGEPE	MORC1[193-212]	14	5126	TSASGSASGSASTLVHNGTS	MUC-1[959-978]
14	3804	TTQKEFFQGCIMQPVKDLLK	MPHOSPH1[123-142]	14	5127	EAFSRASLVSVYNSYPYYPY	NKX3.1[203-222]
14	3805	NRFPDLMMCLPEIRYIAGKM	NR6A1[435-454]	14	5128	MAASFFSDFGLMWYLEELKK	NLRP4[1-20]
14	3806	QTERMLCFSVNGVFKEVEGQ	NXF2[491-510]	14	5129	RADPVDLEFSVDQVDSVDQE	PASD1[298-317]
14	3807	INLVDVYGNTALHYAVYSEI	NY-BR-1[76-95]	14	5130	SATEVGRIQASPLPRSVDLS	PIWIL4[17-36]
14	3808	FSDFKDFIFDDMYIVQKYIS	NYD-TSPG[225-244]	14	5131	KYADKIYSISMKHPQEMKTY	PSMA[606-625]
14	3809	IEAARRQFQSQLADLQQLPD	ODF2[582-601]	14	5132	YVEIWQAYLDYLRRRVDFKQ	SART3[417-436]
14	3810	TKPCAPVVTFGIKHSDYMTP	ODF3[229-248]	14	5133	MEKQKPFALFVPPRSSSSQV	SCP-1[1-20]
14	3811	KSFWSLILSHPSGAVSCSSS	ODF4[205-224]	14	5134	IEKRRKKRSSAGVVEDMGGE	SCP3a[50-69]
14	3812	PLGPAGLGAEEPAAGPQLPS	OIP5[49-68]	14	5135	QDKRIENLREKVNILEAQNK	se57-1[274-293]
14	3813	GYRAFTEANDGSLCLAMEYG	PBK[99-118]	14	5136	LKNNLIEKDPSLVYQHLLYL	SPAG1[857-876]
14	3814	GILGSILLPSFQIALLTSED	PEPP2[209-228]	14	5137	KTRDGGSVVGASVFYKDVAG	SPAG9[699-718]
14	3815	LRDWGLSFDSNLLSFSGRIL	PIWIL1[438-457]	14	5138	PDVENEVKRLLRSDAEAVST	TAF7L[259-278]
14	3816	TITSCEWVDFYLLAHHVRQG	PIWIL2[880-899]	14	5139	WKRLGWSESSRIIVLDQSDL	TEX14[1476-1495]
14	3817	TYCLCHMYYNLPGIIRVPAP	PIWIL3[833-852]	14	5140	PSSRILQLSKPKAPATLLEE	THEG[264-283]
14	3818	TWKLPTLAKFSPYLGQMINL	PRAME[243-262]	14	5141	DLKIQIEMEKKVVFSTISLG	TPTE[430-449]
14	3819	SVLLLLSLVTGTQLGPRTPL	PRSS55[5-24]	14	5142	KVITKEYLVNITEYRASHST	TSPY1[214-233]
14	3820	PLLTTNLSPQCLSLLHAMVA	RAGE-1[248-267]	14	5143	FINHQIIYAGEKNHQYGKSF	ZNF165[307-326]
14	3821	RRFGQNYERIFILLEEVQGS	SAGE1[836-855]	15	5144	EDVVLRWSQEFSTLTLGQFG	ACRBP[524-543]
14	3822	IHYFTGTPDPSRSIFKPFIF	SCRN1[291-310]	15	5145	QKQSSYVGWWIHFRIVEIVV	ADAM29[185-204]
14	3823	VIVSTLEMSCKALMRFIMVT	SLCO6A1[442-461]	15	5146	ERQLNEAVGNVTPLQLLDWL	AKAP-3[830-849]
14	3824	QIQVQGHMPPLMIPIFPHDQ	SOX-6[257-276]	15	5147	VPHLQKVFDRYKSYSPYDML	ANXA2[222-241]
14	3825	NCTCGATAVAVPSNIQGIRN	SPO11[193-212]	15	5148	KNGRLTNQLQYLQKVVLKDL	BRDT[24-43]
14	3826	AHRKHTMLQECKERISALNL	SYCE1[123-142]	15	5149	APGHMSDVEWMSIFKPSKMQ	CCDC62[525-544]
14	3827	RNGGTSMMVENMAVRPAPHP	TAG-1[1002-1021]	15	5150	LKEFEKTIHFYQKKIILHEK	CTAGE2[408-427]
14	3828	VIYSPGEFYCHVLKEDALKK	TDRD1[722-741]	15	5151	SIYFSSDVVTGNVPLKVGQK	CXorf48[56-75]
14	3829	QAPVIQECYQPYYLPGYRYL	TEKT5[28-47]	15	5152	VPVKGSRYAPNRRKSRRFIP	DBPC[166-185]
14	3830	ADPANMFNWTTEEVETCDKG	TEX101[38-57]	15	5153	DAQESSLGLTGLQSLLQGFS	DKKL1[37-56]
14	3831	LICREDNAVSAATALLESEE	TEX15[541-560]	15	5154	AISYRKFTSASDVWSFGIVM	EPHA2[788-807]
14	3832	EQAQEEITRLRREMMKSCKS	TSGA10[69-88]	15	5155	VESAVWYVKKFGRYLEHLEV	FBXO39[75-94]
14	3833	KLKQELKYSNYVRPICLPGT	TSP50[211-230]	15	5156	KRKRKSEMLQKAARGREEHG	FMR1NB[234-253]
14	3834	LYRNGDFFISSKDLGYDYSY	TYR[432-451]	15	5157	QGLEMRIKLWEEIKSAKYSE	FSIP1[142-161]
14	3835	SDNHTTPILCGAQYRIHTHG	WT1[273-292]	15	5158	LENFFRYFLRLSDDKMEHAQ	FTHL17[49-68]
15	3836	GLPHIRVFLDNNPWVCDCHM	5T4[283-302]	15	5159	SKDQQKILAALKELQVEEIQ	GASZ[320-339]
15	3837	TLYPGFTKRLFRELMGDHVS	ACTL8[302-321]	15	5160	KVKNQLRFLAELAYDLDVDD	Glypican-3[515-534]
15	3838	PRTISLESLAVILAQLLSLS	ADAM2[299-318]	15	5161	SQKRSFVYVWKTWGQYWQVL	gp100[144-163]
15	3839	TSSYANRRPCFSSLVVDETY	AFP[502-521]	15	5162	NLLLNYGLYRKMEIYRPHKA	HDAC1[40-59]; HDAC2[41-60]
15	3840	PDGECSIDDLSFYVNRLSSL	AKAP-4[208-227]	15	5163	KKIRESYENDIASMNLQAHL	KOC1[345-364]
15	3841	PSSEAAEDVMVAAPLVCSGK	CABYR[210-229]	15	5164	EALFKKSAETLWNIQKDLIF	LDHC[313-332]
15	3842	FKKIKANYVCLQERYMTEMQ	CAGE1[410-429]	15	5165	KPPYSRLDYTDAKFVDVIHS	LIPI[213-232]

[0546]

15	3843	SGTIFDNFLITDDEEYADNF	CALR3[309-328]	15	5166	SFSQDILHDKIIDLVHLLLR	MAGE-A11[216-235]
15	3844	FLWQYKSSADKMQQLNAAHQ	CDCA1[141-160]	15	5167	PRKLLTQDLVQENYLEYRQV	MAGE-A12[242-261]
15	3845	KGLCTNSCQYQDLLSNCDSL	CRISP2[198-217]	15	5168	GSNPARYEFLWGPRALAETS	MAGE-A4[264-283]
15	3846	KWMLGCYDALQKKYLRMVVL	CT46[80-99]	15	5169	VVDEKYKDHFTEILNGASRR	MAGE-B1[137-156]
15	3847	AFLSPPTLLEGPLRLSPLLP	cTAGE5[533-552]	15	5170	TKGEMLKIVGKRFREHFPEI	MAGE-B2[133-152]
15	3848	RQSLQQCVAISIQQELYSPQ	CTCFL[127-146]	15	5171	KMKKPIMKADMLKIVQKSHK	MAGE-B3[127-146]
15	3849	RAARALLSAVTRLLILADMA	CTNNA2[125-144]	15	5172	LKIISKKYKEHFPEIFRKVS	MAGE-B4[136-155]
15	3850	ILCALIVFWKYRRFQRNTGE	CXorf61[11-30]	15	5173	LQIPVSRSFSSTLLSIFQSS	MAGE-C1[198-217]
15	3851	AVSLDGYFHLWKAENTLSKL	DCAF12[269-288]	15	5174	ASSTLYLVFSPSSFSTSSSL	MAGE-C2[42-61]
15	3852	GGSPVKNSLRGLPGPYVPGQ	DMRT1[249-268]	15	5175	ERSQRSQIANITTVWRAQPT	MORC1[668-687]
15	3853	RKRKAVTKRARLQRSYEMNE	DPPA2[148-167]	15	5176	QKWREERDQLVAALEIQLKA	MPHOSPH1[1516-1535]
15	3854	KDTEITCSERVRTYWIIIEL	EpCAM[129-148]	15	5177	ETQFNQYKTEAASRYNLTIS	MUC-1[1118-1137]
15	3855	TQKVTCFYQPAPYFAAEARY	FAM46D[342-361]	15	5178	EKLDAFFGFQLSQEIKQQIH	NLRP4[513-532]
15	3856	GHASPHLFTFPPTPPKDVSP	GATA-3[144-163]	15	5179	EQLEERTWLLHDAIQNQQNA	PASD1[382-401]
15	3857	KEPMIVYVGTLDLVAVSSVK	HAGE[443-462]	15	5180	RPRRINMTDTGISPMSTRDP	SAGE1[226-245]
15	3858	RLFENLRMLPHAPGVQMQAI	HDAC2[366-385]; HDAC1[365-384]	15	5181	PIPESVIQNYNKALQQLEKY	SART3[276-295]
15	3859	DRVMTVSFHKYGNYFFPGTG	HDAC3[185-204]	15	5182	EELKGTEQELIGLLQAREKE	SCP-1[458-477]
15	3860	LYQGGQMFDGAPRFHGRVGF	IGFS11[75-94]	15	5183	EGVGVDINKALLAKRKRLEM	SCP3a[75-94]
15	3861	TRQLCFVVRSKVNIYCSDDG	IL13RA2[301-320]	15	5184	EIEALLGMDLVRLGLERGET	SCRN1[103-122]
15	3862	CDVDKLHFTPRIQRLNELEA	JARID1B[76-95]	15	5185	IPPRDKMEDNSALYESTSAH	se57-1[10-29]
15	3863	NDGTKIAASQAISAMCENSG	KU-CT-1[329-348]	15	5186	QAFPDMHNSNISKILGSRWK	SOX-6[641-660]
15	3864	VADLVGFLLLKYRAREPVTK	MAGE-A1[106-125]	15	5187	PGNVKALLRRATTYKHQNKL	SPAG1[273-292]
15	3865	GMLSDVQSMPKTGILILILS	MAGE-A10[213-232]	15	5188	QKVGSLEPRVEVLINRINEV	SYCE1[44-63]
15	3866	REDSVFAHPRKLLMQDLVQE	MAGE-A2[234-253]	15	5189	KVLLDAGFAVGEQSMVTDKP	TDRD1[665-684]
15	3867	KVLHHMVKISGGPHISYPPL	MAGE-A3[285-304]	15	5190	QAKATQFNSALFTLSSHRQG	TEX14[875-894]
15	3868	LHHMVKISGGPRISYPLLHE	MAGE-A6[287-306]	15	5191	SRRVEELSRPKRFYLEYYNN	THEG[191-210]
15	3869	FLWGPRALAETSYVKVLEHV	MAGE-A8[274-293]; MAGE-A4[272-291]	15	5192	KVLKSERDKIFLLYEQAQEE	TSGA10[55-74]
15	3870	LKVAELVHFLLHKYRVKEPV	MAGE-A9[110-129]	16	5193	LIFLLNFTESRTLHRNEYGI	AFP[9-28]
15	3871	YDGILHSIYGDARKIITEDL	MAGE-B6[317-336]	16	5194	QVASDMMVSLMKTLKVHSSG	AKAP-4[339-358]
15	3872	KMVNVPLEQLPLLFKVVLHS	NR6A1[453-472]	16	5195	VNILTNRSNAQRQDIAFAYQ	ANXA2[57-76]
15	3873	TLKIIERNFPELLSLNLCNN	NXF2[261-280]	16	5196	SGKINRHEHYFNQFHRRNEL	CALR3[365-384]
15	3874	ACLQRKMNVDVSSTIYNNEV	NY-BR-1[1173-1192]	16	5197	LQQSLNQDFHQKTIVLQEGN	CDCA1[190-209]
15	3875	CKPAELSRGRGILIFSDFKD	NYD-TSPG[211-230]	16	5198	PASNMLKMEWSREVTTNAQR	CRISP2[54-73]
15	3876	DELERKLEATSAQNIEFLQV	ODF2[667-686]	16	5199	EELERTIHSYQGQIISHEKK	cTAGE5[440-459]
15	3877	GPAYSILGRYQTKTMLTPGP	ODF3[84-103]	16	5200	MSLLSIQQQEGVQVVVQQPG	CTCFL[97-116]
15	3878	RWMAQVLASELSLVAFILLL	ODF4[77-96]	16	5201	QPFEENEFIDASRLVYDGVR	CTNNA2[602-621]
15	3879	STYNLLFCGSCGIPVGFHLY	OIP5[130-149]	16	5202	GLINSNTDNNLAVYDLSRDI	CXorf61[47-66]
15	3880	CSTPTINIPASPFMQKLGFG	PBK[22-41]	16	5203	LHKRKRLPPVKRSLVYYLKN	DCAF12[33-52]
15	3881	VTGQPSQDNCIFVVNEQTVA	PEPP2[88-107]	16	5204	TLSSHLQIDKMTDNKTGEVL	DKKL1[99-118]
15	3882	AWNSCNEYMPSRIIVYRDGV	PIWIL1[685-704]	16	5205	DSKSLRTALQKEITTRYQLD	EpCAM[158-177]
15	3883	IAGPIGMRMSPPAWVELKDD	PIWIL2[628-647]	16	5206	GDQDNWLRTNWVYRGEAERI	EPHA2[75-94]
15	3884	KMSTYLKTISPNNFTLAFIV	PIWIL3[741-760]	16	5207	FIKRNIELAKESRNPVVMVD	FSIP1[254-273]
15	3885	ADCLKVFMTGALNKWYKYNH	PIWIL4[663-682]	16	5208	IQNAAVFQEAFEIVVRHAKN	Glypican-3[105-124]
15	3886	ELFPPLFMAAFDGRHSQTLK	PRAME[51-70]	16	5209	QVSLKVSNDGPTLIGANASF	gp100[65-84]
15	3887	VIMDWEECSKMFPKLTKNML	PRSS55[215-234]	16	5210	SDEYIKFLRSIRPDNMSEYS	HDAC2[70-89]
15	3888	FKYHLTVAQVRGGMVFELAN	PSMA[570-589]	16	5211	RDYTLRTFGEMADAFKSDYF	JARID1B[375-394]
15	3889	APECLLTDGFYTYKMDLWSA	RAGE-1[169-188]	16	5212	TSLGLTYDGMLSDVQSMPKT	MAGE-A10[205-224]
15	3890	GRCWIYNKTKMAFLLVGICF	SLCO6A1[655-674]	16	5213	LEHVVRVNARVRIAYPSLRE	MAGE-A4[288-307]
15	3891	QRKRFTRVEMARVLMERNQY	SPAG9[499-518]	16	5214	KASDSLQLVFGIELMEVDPI	MAGE-A6[153-172]
15	3892	DADPHGIEIMCIYKYGSMSM	SPO11[277-296]	16	5215	QENYLEYRQAPGSDPVRYEF	MAGE-A8[255-274]
15	3893	CSEEYLERQLQAEFIESGQY	TAF7L[362-381]	16	5216	DGEEHLIYGEPRKFITQDLV	MAGE-B1[231-250]
15	3894	PGLSYRWLLNEFPNFIPTDG	TAG-1[162-181]	16	5217	GEPWKLITKDLVQEKYLEYK	MAGE-B2[242-261]
15	3895	LECAANEVNCPLQVALECLY	TEKT5[176-195]	16	5218	KVDSTKDSYVLVSKMDLPNN	MAGE-B3[170-189]
15	3896	VREACPHQLLTQPRKTENGA	TEX101[205-224]	16	5219	AETSKMKVLEFLAKVNDTTP	MAGE-B4[278-297]
15	3897	KREKNSYYVFLKYKRQVNEC	TEX15[1774-1793]	16	5220	DDSTATESASSSVMSPSFSS	MAGE-C1[1122-1141]
15	3898	GLFGVFLVLLDVTLILADLI	TPTE[95-114]	16	5221	YTLDEKVAELVEFLLLKYEA	MAGE-C2[139-158]
15	3899	LQVSSYQHWIWDCLNGQALA	TSP50[344-363]	16	5222	EQEKEEIASKSALLRQIKEV	MPHOSPH1[207-226]
15	3900	CGVGRAAQALVCASAKEGTA	TSPY1[20-39]	16	5223	DSLVERLHRQTAEYSAFKLE	ODF2[488-507]
15	3901	DINIYDLFVWMHYYVSMDAL	TYR[169-188]	16	5224	EHGDSSAYENVKFIVNVRDI	PASD1[118-137]
15	3902	FKDCERRFSRSDQLKRHQRR	WT1[357-376]	16	5225	MDEAKILKSLHHPNIVGYRA	PBK[83-102]
15	3903	ALSRLRELCCQWLKPEIHTK	ZNF165[66-85]	16	5226	IPTSPSHGSIAAYQGYSPQR	PEPP2[541-560]
16	3904	WVCDCHMADMVTWLKETEVV	5T4[296-315]	16	5227	HDIVNRQKSIAGFVASTNAE	PIWIL3[657-676]
16	3905	QYPNYCSFKSQQCLMRNRNR	ACRBP[483-502]	16	5228	ARLVDNIQRNTNARFELETW	PIWIL4[415-434]
16	3906	SGLLTGVVVDSGYGLTRVQP	ACTL8[140-159]	16	5229	SISISALQSLLQHLIGLSNL	PRAME[417-436]
16	3907	TTGEANELLHTFLRWKTSYL	ADAM2[239-258]	16	5230	PYEEALLQAEAPRLAEYQAY	SART3[297-316]
16	3908	KHLPVFTYTDQGAILEDQPF	ADAM29[76-95]	16	5231	EVEKAKVIADEAVKLQKEID	SCP-1[681-700]
16	3909	AEDLIVSALLLIQYHLAQGG	AKAP-3[524-543]	16	5232	SGKPSVEDQFTRAYDFETED	SCP3a[12-31]
16	3910	YCVQDTTSANTTLVHQTTPS	BRDT[708-727]	16	5233	LKIKLQASREAGAAALRNVA	se57-1[112-131]
16	3911	QLPEQIVIPFTDQVACLKEN	CABYR[311-330]	16	5234	MITQLISLREQLLAAHDEQK	SOX-6[194-213]
16	3912	KSVSQYLEMDKTLSKKEEEV	CAGE1[433-452]	16	5235	GQGENKMKNLPVPVYLRPLD	SPAG9[660-679]
16	3913	QSDLQFLNFNVENSQELIQM	CCDC62[293-312]	16	5236	QGHTSSEYDMLREMFSDSRS	TAF7L[311-330]
16	3914	SVSCITYLRGIFPECAYGTR	CT46[37-56]	16	5237	PGNISWTFSSSSLSIKWDPV	TAG-1[916-935]
16	3915	SLYPPTLLEGPLRLSPLLPR	CTAGE2[503-522]	16	5238	PQAKEMFIDTVISSYNIETA	TEX15[389-408]
16	3916	FCGDYGMIDESIYFSSDVVT	CXorf48[46-65]	16	5239	TERDVAFTDLRRMTTERDSL	TSGA10[103-122]

[0547]

16	3917	EAAAGATAVPAATVPATAAG	DBPC[5-24]	16	5240	TPIEWYPDYEVEAYRRRHHN	TSPY1[233-252]
16	3918	CEPASEPSSFTVTPVIEEDE	DMRT1[354-373]	17	5241	EDVRVSGWLQTEFLSFQDGD	ACRBP[452-471]
16	3919	ARAVQPKALNSCSIPVSVEA	DPPA2[194-213]	17	5242	SNTYQLPDGSRVELTPMQRV	ACTL8[235-254]
16	3920	PGNEEFQVVKDAVLDCLLDF	FAM46D[92-111]	17	5243	LFGLEIWTNKNLIVVDDVRK	ADAM29[245-264]
16	3921	LLSCLSKSNNRLKSLSIQYL	FBXO39[115-134]	17	5244	KWVESIFLIFLLNFTESRTL	AFP[2-21]
16	3922	RRKAKGRNRRSHRAMRVAHL	FMR1NB[5-24]	17	5245	LGNGSSVDEVSFYANRLTNL	AKAP-3[115-134]
16	3923	GDPQLCHFLESHYLHEQVKT	FTHL17[126-145]	17	5246	SSGKPIPASVVLKRVLLRHT	AKAP-4[356-375]
16	3924	EISGDEFLNFLLKLNKQCGH	GASZ[350-369]	17	5247	KIRSEFKRKYGKSLYYYIQQ	ANXA2[302-321]
16	3925	ANGDPVCNACGLYYKLHNIN	GATA-3[333-352]	17	5248	PDSQQQYNVVKTVKVTEQLR	BRDT[255-274]
16	3926	TLCYLMPGFIHLVLQPSLKG	HAGE[293-312]	17	5249	AQLEENAKYSSVYMEAEATA	CABYR[366-385]
16	3927	CWTYETSLLVEEAISEELPY	HDAC3[306-325]	17	5250	KMKNTDYLTQYDLSEFENIG	CALR3[279-298]
16	3928	SESPGSIQVARGQPAVLPCT	IGFS11[26-45]	17	5251	ARNETLSNTLVELSAQVGQL	CCDC62[133-152]
16	3929	ESSCEIKLKWSIPLGPIPAR	IL13RA2[249-268]	17	5252	SEQDELMADISKRIQSLEDE	cTAGE5[160-179]
16	3930	TEEIPLKILAHNNFVGRLIG	KOC1[274-293]	17	5253	EHQLGNNTLSSHLQIDKMTD	DKKL1[92-111]
16	3931	PDVKKNSMECIYNLVQDFQC	KU-CT-1[164-183]	17	5254	QQLGLSTNGKKIEVYLRLHR	DPPA2[105-124]
16	3932	NSQCKITIVGTGAVGMACAI	LDHC[18-37]	17	5255	HKAREKPYDSKSLRTALQKE	EpCAM[150-169]
16	3933	KLQEVKILAQFYNDFVNISS	LIPI[401-420]	17	5256	EQQKKIESYLHNHFIGEGMT	FAM46D[275-294]
16	3934	LESVIKNYKHCFPEIFGKAS	MAGE-A1[129-148]	17	5257	GPLSVYPPASSSSLSGGHAS	GATA-3[128-147]
16	3935	WVQEKYLVYRQVPGTDPACY	MAGE-A11[363-382]	17	5258	SLIYRRRLMKQDFSVPQLPH	gp100[613-632]
16	3936	IGHLYILVTCLGLSYDGLLG	MAGE-A12[172-191]	17	5259	QLSTGGSVASAVKLNKQQTD	HDAC1[111-130]
16	3937	ISHLYILVTCLGLSYDGLLG	MAGE-A2[172-191]	17	5260	HNLLLNYGLYRKMEIYRPHK	HDAC2[40-59]
16	3938	LGDNQIMPKAGLLIIVLAII	MAGE-A3[190-209]	17	5261	IREDDTTLVTATVENETYTL	IL13RA2[276-295]
16	3939	GTDVKEVDPAGHSYILVTAL	MAGE-A9[162-181]	17	5262	QEGPSTFPDLETSFQVALSR	MAGE-A12[92-111]
16	3940	CATEEEVWEFLGLLGIYDGI	MAGE-B6[301-320]	17	5263	EEGPRMFPDLESEFQAAISR	MAGE-A2[92-111]
16	3941	AGALEDFPARWSFRAYTSVL	MORC1[225-244]	17	5264	VGNWQYFFPVIFSKASSSLQ	MAGE-A3[140-159]
16	3942	KNYGQLDIFPARDTYHPMSE	MUC-1[1189-1208]	17	5265	EEGVEAQEEALGLVGAQAPT	MAGE-A4[13-32]
16	3943	TPQTQHQLKALCSLAAEGMW	NLRP4[389-408]	17	5266	PAHLESLFREALDEKVAELV	MAGE-A8[101-120]
16	3944	MCLPEIRYIAGKMVNVPLEQ	NR6A1[442-461]	17	5267	YKMREPIMKADMLKVVDEKY	MAGE-B1[123-142]
16	3945	RNWFKVTIPYGIKYDKAWLM	NXF2[122-141]	17	5268	KSGSLVQFLLYKYKIKKSVT	MAGE-B2[114-133]
16	3946	IQDAQKRTALHWACVNGHEE	NY-BR-1[12-31]	17	5269	VDVSYKKSYKGANSKIEKKQ	MAGE-B3[75-94]
16	3947	KPLTIYVYQEGLVRFATEKF	NYD-TSPG[266-285]	17	5270	SASQKAIIFKRLSKDAVKKK	MAGE-B6[179-198]
16	3948	TWRPHRPRGPIMALYSSPGP	ODF3[9-28]	17	5271	STFEGFAQSSLQIPVSPSFS	MAGE-C1[258-277]
16	3949	RSCSDLENGKVTFIFSTLML	ODF4[142-161]	17	5272	KLREILLYFFPEHQLPSELE	MORC1[824-843]
16	3950	GHFCLSSDKMVCYLLKTKAI	OIP5[160-179]	17	5273	QQHVPFRESKLTHYFQSFFN	MPHOSPH1[426-445]
16	3951	KMGGELWRVDIPLKLVMIVG	PIWIL1[611-630]	17	5274	QLKVLIAENTMLTSKLKEKQ	NY-BR-1[1111-1130]
16	3952	DSLKLCLVGSLKKFYEVNHC	PIWIL2[786-805]	17	5275	ITPPSSEKLVSVMRLSDLST	ODF2[91-110]
16	3953	SLVNYNLWIEKVTQLEGRPF	PRSS55[287-306]	17	5276	SMEWDTQVVKGSSPLGPAGL	OIP5[36-55]
16	3954	LHETDSAVATARRPRWLCAG	PSMA[5-24]	17	5277	GPPDPQAFQGPAAYQPDQMR	PASD1[735-754]
16	3955	PQCLSLLHAMVAYDPDERIA	RAGE-1[256-275]	17	5278	GTGVNVYLMKRSPRGLSHSP	PBK[41-60]
16	3956	PAPGNILSTAPPWLRHMAAA	SAGE1[639-658]	17	5279	DVMHLSQSPSVSQLSVLSLS	PRAME[338-357]
16	3957	WGAEMGANEHGVCIANEAIN	SCRN1[77-96]	17	5280	IGEGTFSEVMKMQSLRDGNY	RAGE-1[10-29]
16	3958	FLFAAVVAWCTLIPLSCFPN	SLCO6A1[318-337]	17	5281	RKQDNVLSNVLSGLINMAGA	SAGE1[451-470]
16	3959	YPSLWGFGTTKTFKIPIEHL	SPAG1[6-25]	17	5282	TEKENKMKDLTFLLEESRDK	SCP-1[276-295]
16	3960	TVVDNIINDISCMLKVSRRS	SPO11[148-167]	17	5283	EYSQQFLTLFQQWDLDMQKA	SCP3a[124-143]
16	3961	LKGERPGAAHQAGPDVLIGQ	SYCE1[312-331]	17	5284	VAFPPRAKDGLVVFGKNSAR	SCRN1[11-30]
16	3962	QPITSSHLALPFQIIRCSLE	TDRD1[1039-1058]	17	5285	IQDIITSLARNEAPAFTIDN	SPO11[55-74]
16	3963	EKCMGMRKTFPCTPRLVGHT	TEKT5[466-485]	17	5286	GQDTSSQKIEDLMEMVQKLQ	SYCE1[25-44]
16	3964	IGCRLMSGILAVGPMFVREA	TEX101[189-208]	17	5287	DRGSETTYESSADIAGDEGT	TAF7L[36-55]
16	3965	PLPTQLYNWAAPEVILQKAA	TEX14[414-433]	17	5288	LMELNGSSSQLIIMLLKNFM	TDRD1[1060-1079]
16	3966	LCWPSVYWTERFLEDTTLTI	THEG[166-185]	17	5289	SNAAIQIASATMPALSLNND	TEX15[598-617]
16	3967	NLPPRRILFIKHFIIYSIPR	TPTE[407-426]	17	5290	NEGYDRRPLASMSLPPPKAS	THEG[349-368]
16	3968	DQMTQTASDVPVLQVIMHSR	TSP50[172-191]	17	5291	SSGRQSFYRNPIKEVVRFLD	TPTE[253-272]
16	3969	NLLSPASFFSSWQIVCSRLE	TYR[261-280]	17	5292	ELVRHHNMHQRNMTKLQLAL	WT1[430-449]
16	3970	KRPFMCAYPGCNKRYFKLSH	WT1[320-339]	17	5293	SQSSNLSQHQRIHMRENLLM	ZNF165[466-485]
16	3971	GTCDQSFKWNSDFINHQIIY	ZNF165[295-314]	18	5294	PWPERLSNNVEELLQSSLSL	ACRBP[167-186]
17	3972	TGNQLAVLPAGAFARRPPLA	5T4[99-118]	18	5295	LAKDLIVSALKLIQYHLTQQ	AKAP-4[540-559]
17	3973	GSDTTVVAQKVFQLIGLTNA	ADAM2[195-214]	18	5296	LEKDIISDTSGDFRKLMVAL	ANXA2[155-174]
17	3974	RQFETVCKFHWVEAFDDEMT	CAGE1[119-138]	18	5297	DKSKLWLLKDRDLARQKEQE	BRDT[900-919]
17	3975	SEKTKRLNELKLSVVSLKEI	CDCA1[217-236]	18	5298	KVSSIHSDQSDVLMVDVATS	CABYR[182-201]
17	3976	SDPTSWSSAIQSWYDEILDF	CRISP2[102-121]	18	5299	QERTNSELHNLRQIYVKQQS	CCDC62[275-294]
17	3977	FEGEPMYLNVGEVSTPFHIF	CT46[203-222]	18	5300	AQLQRTPMSALVFPNKISTE	CT46[4-23]
17	3978	PGPPRAPFAMRNVYLPRGFL	CTAGE2[710-729]	18	5301	ELYQENEMKLHRKLTVEENY	cTAGE5[387-406]
17	3979	KTFRTVTLLRNHVNTHTGTR	CTCFL[292-311]	18	5302	GPLKNTSDVINAAKKIAEAG	CTNNA2[733-752]
17	3980	AGAIRGRAARVIHIINAEME	CTNNA2[540-559]	18	5303	RLFLKGNLLRGIDSLFSAPM	DKKL1[57-76]
17	3981	PSAPGSRTPGNPATAVSGTP	DBPC[58-77]	18	5304	VRTYWIIIELKHKAREKPYD	EpCAM[139-158]
17	3982	NVCLAYGSEWSVYAVGSQAH	DCAF12[299-318]	18	5305	VLPDGQVIWVNNTIINGSQV	gp100[96-115]
17	3983	SFYQPSLFPYYNNLYNCPQY	DMRT1[212-231]	18	5306	PARRAKRMRAEAMNIKIEPE	JARID1B[227-246]
17	3984	MELQAARACFALLWGCALAA	EPHA2[1-20]	18	5307	LENFTLKVAYIPDEMAAQQN	KOC1[144-163]
17	3985	RILLQEIPIRSISLRSCYFS	FBXO39[300-319]	18	5308	AAEADGIDPLINLLSSKRDG	KU-CT-1[394-413]
17	3986	SLEEDSALEALLNFFFPTTC	FMR1NB[115-134]	18	5309	WKNIHKQVIQSAYEIIKLKG	LDHC[227-246]
17	3987	AENMKCLQFSKDVIISDTKD	FSIP1[501-520]	18	5310	VKNTRKVAVSLSVHIKNLLK	LIPI[147-166]
17	3988	AINSHITLELYTSYLYLSMA	FTHL17[20-39]	18	5311	KVLEYVIKVSARVRFFFPSL	MAGE-A1[278-297]
17	3989	LLDSGISVDSNFQYGWTPLM	GASZ[65-84]	18	5312	ASEEEIWEELGVMGVYDGRE	MAGE-A4[217-236]
17	3990	RTACLVVAMLLSLDFPGQAQ	Glypican-3[6-25]	18	5313	VGNWQYFFPVIFSKASDSLQ	MAGE-A6[140-159]
17	3991	VHDVTHVYNFDFPRNIEEYV	HAGE[553-572]	18	5314	VNPNGHTYTFIDKVDLTDEE	MAGE-B2[171-190]
17	3992	NNKICDIAINWAGGLHHAKK	HDAC3[119-138]	18	5315	EFLNKMRIYDGKKHFIFGEP	MAGE-B3[225-244]

[0548]

17	3993	NIGLIAGAIGTGAVIIIFCI	IGFS11[239-258]	18	5316	GEPRKLITQDLVQEKYLEYQ	MAGE-B4[239-258]
17	3994	CAVNTFLTENSPYSLLEVLC	JARID1B[1072-1091]	18	5317	RTSQHLVVAFGVELKEMDSS	MAGE-B6[239-258]
17	3995	LIPGLNLNALGLFPPTSGMP	KOC1[364-383]	18	5318	LDEKVDELARFLLLKYQVKQ	MAGE-C1[908-927]
17	3996	PEEEVVIHEFASLCLANMSA	KU-CT-1[119-138]	18	5319	AFTKLNNASSRSHSIFTVKI	MPHOSPH1[340-359]
17	3997	YSPDCKILVVSNPVDILTYI	LDHC[127-146]	18	5320	PSPGSTLSSSRSVELNGFMA	NR6A1[190-209]
17	3998	NKRPCLEFSQLSVKDSFRDL	LIPI[38-57]	18	5321	YLKGELLRRTKRDIVDSLSA	NXF2[454-473]
17	3999	PVTKAEMLESVIKNYKHCFP	MAGE-A1[122-141]	18	5322	IDIHFLERKMQHHLLKEKNE	NY-BR-1[1296-1315]
17	4000	SDPARYEFLWGPRAHAEIRK	MAGE-A10[289-308]	18	5323	EKSEEYAEQLHVQLADKDLY	ODF2[414-433]
17	4001	LVHLLLRKYRVKGLITKAEM	MAGE-A11[229-248]	18	5324	QPDQMRSAEQTRLMPAEQRD	PASD1[749-768]
17	4002	MPKTGFLIIILAIIAKEGDC	MAGE-A6[196-215]	18	5325	SNSIKRNPNAPVVRRGWLYK	PEPP2[159-178]
17	4003	GLSCDSMLGDGHSMPKAALL	MAGE-A9[182-201]	18	5326	QETAQLVGSTASQQPGYIQP	PIWIL1[16-35]
17	4004	RNGLLMPLLSVIFLNGNCAR	MAGE-B4[197-216]	18	5327	MSGRARVKARGIARSPSATE	PIWIL4[1-20]
17	4005	VTEAEMLMIVIKYKDYFPVI	MAGE-C2[162-181]	18	5328	RRLWGSIQSRYISMSVWTSP	PRAME[4-23]
17	4006	SPGSGSSTTQGQDVTLAPAT	MUC-1[65-84]	18	5329	RPFYRHVIYAPSSHNKYAGE	PSMA[684-703]
17	4007	EYISEMLLRNKSVRYLDLSA	NLRP4[797-816]	18	5330	GSMKVKRQFVEFTIKEAARF	SAGE1[854-873]
17	4008	RKQRNRCQYCRLLKCLQMGM	NR6A1[106-125]	18	5331	QENRKIIEAQRKAIQELQFG	SCP-1[135-154]
17	4009	NLCNNKLYQLDGLSDITEKA	NXF2[276-295]	18	5332	MFRQQQKILQQSRIVQSQRL	SCP3a[153-172]
17	4010	QFIPLTFVMPNDYTKFVAEY	NYD-TSPG[176-195]	18	5333	PLKNVRKKRFRKTQKKVPDV	TAF7L[225-244]
17	4011	MTEEVWMGTWRPHRPRGPIM	ODF3[1-20]	18	5334	KLVENSLSISNPGLFTSLGP	TDRD1[144-163]
17	4012	IFSTLMLFPINIWIFELERN	ODF4[155-174]	18	5335	GEYFYSSTAQENLALETSSP	TEX14[1088-1107]
17	4013	KKERPISMINEASNYNVTSD	PEPP2[114-133]	18	5336	LKKAHRRVHTSLQLITKVGE	TEX15[1004-1023]
17	4014	PLISVKPLDNWLLIYTRRNY	PIWIL1[486-505]	18	5337	RKRRRRRRLMELAEPKINWQ	THEG[120-139]
17	4015	ERINLKNTSFITSQELNWVK	PIWIL2[571-590]	18	5338	TTDKILIDVFDGLPLYDDVK	TPTE[458-477]
17	4016	PGIIRVPAPCHYAHKLAYLV	PIWIL3[844-863]	18	5339	FWSWVGQANDIGLLKLKQEL	TSP50[197-216]
17	4017	NDNSEAQLAHLIPELCFLTG	PIWIL4[365-384]	18	5340	ASPLTGIADASQSSMHNALH	TYR[348-367]
17	4018	EPGEKWYQVGIISWGKSCGE	PRSS55[259-278]	18	5341	ENSRSMPKLEIFEKIESQRI	ZNF165[188-207]
17	4019	GAKGVILYSDPADYFAPGVK	PSMA[221-240]	19	5342	GFTKRLFRELMGDHVSSTKA	ACTL8[306-325]
17	4020	LSSVGLHMTKGLALWEAYRE	SART3[214-233]	19	5343	QITEEQLEAVIADFSGLLEK	AFP[562-581]
17	4021	ENKLLQLKSSATYGKSCQDL	se57-1[213-232]	19	5344	AQDKAESYSLISMKGMGDPK	AKAP-3[397-416]
17	4022	LVAIFIAFYGDRKKVIWFVA	SLCO6A1[157-176]	19	5345	LSGEAAEAVHSGTSVKSSSG	CABYR[451-470]
17	4023	VAEARVYRDARGRASSEPHI	SOX-6[602-621]	19	5346	PVQEDMALNEVLQKLKHTNR	CAGE1[298-317]
17	4024	ADGNVKAFYRRALAHKGLKN	SPAG1[687-706]	19	5347	TILSPKQIKTPFQKILRDKD	CT46[239-258]
17	4025	DSTLRLYHAHTYQHLQDVDI	SPAG9[1109-1128]	19	5348	VAEAKMTFKRFQANEERLEI	CTAGE2[157-176]
17	4026	TATRRKPHLLLVAAVALVSS	TAG-1[3-22]	19	5349	AAPIHDADAQESSLGLTGLQ	DKKL1[30-49]
17	4027	NSWRPSLFYKIANVQTCPDE	TEKT5[48-67]	19	5350	ASGALVGAASGSSAGGSSRG	DMRT1[34-53]
17	4028	KTENGATCLPIPVWGLQLLL	TEX101[219-238]	19	5351	TRNDWRVASELINILERANQ	HAGE[592-611]
17	4029	GQPSLCSFEINEIYSGCLIL	TEX14[619-638]	19	5352	LPEIQELYQTLLAKPSPAQQ	JARID1B[1360-1379]
17	4030	SCKSPKSTTAHAILRRVETE	TSGA10[85-104]	19	5353	SDLESIFKDAKIPVSGPFLV	KOC1[16-35]
17	4031	KVDPYRSCGFSYEQDPTLRD	TSP50[97-116]	19	5354	SSKRDGAIANAATVLTNMAM	KU-CT-1[408-427]
17	4032	FSDHNFAGSNKIAEILCKDL	TSPY1[261-280]	19	5355	DLQHGSLFFSTSKITSGKDY	LDHC[64-83]
17	4033	VGAVLTALLAGLVSLLCRHK	TYR[484-503]	19	5356	DMNVIVVDWSRGATTFIYNR	LIPI[126-145]
18	4034	LALIGAIFLLVLYLNRKGIK	5T4[363-382]	19	5357	WVQENYLEYRQVPGSNPARY	MAGE-A4[251-270]
18	4035	ISLRPLLVSHVMACGGNTLY	ACTL8[285-304]	19	5358	SVMGLYDGREHSVYWKLRKL	MAGE-A8[229-248]
18	4036	IFCVLIAIMVKVNFQRKKWR	ADAM2[698-717]	19	5359	NLSNDWDFPRNGLLMPLLGV	MAGE-B1[188-207]
18	4037	FGGQKHIIHIKVKKLLFSKH	ADAM29[58-77]	19	5360	RGQTQDHQGAQITATNKKKV	MAGE-B3[19-38]
18	4038	QHACAVMKNFGTRTFQAITV	AFP[221-240]	19	5361	RTHSTFEGFPQSLLQIPMTS	MAGE-C1[325-344]
18	4039	EVVSDLIDSFLRNLHSVTGT	AKAP-3[328-347]	19	5362	KQEFLNVQEYNHLLKVMGQY	MORC1[414-433]
18	4040	KLDKYHSLNEELDFLVTSYE	CAGE1[690-709]	19	5363	VQQIQSNYDIAIAELHVQKS	MPHOSPH1[933-952]
18	4041	CGFDIKKVHVILHFKNKYHE	CALR3[137-156]	19	5364	TMNKRYNVSQQALDLQNLRF	NXF2[220-239]
18	4042	PFSNLVTHLDSFLPICRVND	CDCA1[84-103]	19	5365	YWRTSSFRMTEHNSVKPWQQ	NYD-TSPG[124-143]
18	4043	RAAVAGFFAVLFLWRSFRSV	CTAGE2[17-36]	19	5366	NRSLGQRQNSPLPFQWRITH	ODF4[55-74]
18	4044	CCQCSYASRDTYKLKRHMRT	CTCFL[372-391]	19	5367	RSWTYGITRGGRVFFINEEA	PEPP2[14-33]
18	4045	WCPPPFFYRRRFVRGPRPPN	DBPC[223-242]	19	5368	KVLRSETVLDFMFNFYHQTE	PIWIL1[272-291]
18	4046	GTLNKVFASQWLNHRQVVCG	DCAF12[87-106]	19	5369	FKRANMDNDIALLLLASPIK	PRSS55[148-167]
18	4047	PQGRAGGFGKASGALVGAAS	DMRT1[24-43]	19	5370	RLQDFDKSNPIVLRMMNDQL	PSMA[649-668]
18	4048	ALNSCSIPVSVEAFLMQASG	DPPA2[201-220]	19	5371	KMENVQPAPDNVLLTLRPRR	SAGE1[210-229]
18	4049	LEPHMNYTFTVEARNGVSGL	EPHA2[402-421]	19	5372	AATEAPKMSNADFAKLFLRK	SART3[944-963]
18	4050	EIRFTNLTWDQVITLDQVLD	FAM46D[3-22]	19	5373	GGSGAVMSERVSGLAGSIYR	SPAG9[14-33]
18	4051	EVKFMNPYNAVLTKKFQVTM	FBXO39[93-112]	19	5374	NEVKRLLRSDAEAVSTRWEV	TAF7L[263-282]
18	4052	FKCFAPFRDVPKQMMQMFGL	FMR1NB[171-190]	19	5375	NESVRPYTPFEVKIRSYNRR	TAG-1[775-794]
18	4053	SEECEASKGYYLTKALTGHN	FSIP1[473-492]	19	5376	FQAENTIMLLERSIMAKEGP	TEKT5[368-387]
18	4054	SHYLHEQVKTIKELGGYVSN	FTHL17[136-155]	19	5377	AYDPKHFHNRVVRIMIDDHN	TPTE[289-308]
18	4055	ANASFEKDKQSILITACSAH	GASZ[103-122]	19	5378	LVERREEAQRAQQAVPGPGP	TSPY1[83-102]
18	4056	PTHHGSQVCRPPLLHGSLPW	GATA-3[77-96]	19	5379	AQYRIHTHGVFRGIQDVRRV	WT1[284-303]
18	4057	PDATCHQVRSFFQRLQPGLK	Glypican-3[31-50]	20	5380	GRRDARSFVEAAGTTNFPAN	AKAP-3[543-562]
18	4058	QSQAWPIVLQGIDLIGVAQT	HAGE[269-288]	20	5381	SKIASEMAYEAVELTAAEMR	AKAP-4[268-287]
18	4059	HSDDYIKFLRSIRPDNMSEY	HDAC1[68-87]	20	5382	MKGKGTRDKVLIRIMVSRSE	ANXA2[278-297]
18	4060	YGQGHPMKPHRIRMTHNLLL	HDAC2[25-44]	20	5383	SATEKVFKQQEIPSVFPKTS	BRDT[166-185]
18	4061	LHHAKKFEASGFCYVNDIVI	HDAC3[133-152]	20	5384	IKIGSEKSLHLEVEITSIVS	CABYR[409-428]
18	4062	TFTTSAALINLNVIWMVTPL	IGFS11[45-64]	20	5385	ERPEIVSTWSSAGISWRSEA	CAGE1[260-279]
18	4063	GFILILVIFVTGLLLRKPNT	IL13RA2[349-368]	20	5386	HKEKDKGLQTTQNGRFYAIS	CALR3[59-78]
18	4064	VQFLLFKYQMKEPITKAEIL	MAGE-A10[142-161]	20	5387	NQKSLFKDQKFEAMLVQQNR	CCDC62[348-367]
18	4065	FREASVCMQLLFGIDVKEVD	MAGE-A11[264-283]	20	5388	KTRSGKVFQNKMANGNQPVK	CT46[333-352]
18	4066	LETSFQVALSRKMAELVHFL	MAGE-A12[101-120]	20	5389	IEEKSKLLEKFSLVQKEYEG	cTAGE5[86-105]
18	4067	VIFSKASEYLQLVFGIEVVE	MAGE-A2[149-168]	20	5390	GSSRGGGSGSGASDLGAGSK	DMRT1[49-68]
18	4068	MPKAGLLIIVLAIIAREGDC	MAGE-A3[196-215]	20	5391	NSYNVRRTEGFSVTLDDLAP	EPHA2[480-499]

[0549]

18	4069	GHSYILVTCLGLSYDGLLGD	MAGE-A8[176-195]	20	5392	RPSRVHASEVESAVWYVKKF	FBXO39[66-85]
18	4070	SMPKAALLIIVLGVILTKDN	MAGE-A9[194-213]	20	5393	QLAEIDIKLQELSAASPTIS	FSIP1[319-338]
18	4071	DPPRYQFLWGPRAYAETTKM	MAGE-B1[264-283]	20	5394	GSHHTASPWNLSPFSKTSIH	GATA-3[104-123]
18	4072	WEVLNAVGVYAGREHFVYGE	MAGE-C2[250-269]	20	5395	FVNLKNITYLVLDEADKMLD	HAGE[384-403]
18	4073	AMGIPFIIQCDLCLKWRVLP	MORC1[477-496]	20	5396	GSVAGAVKLNRQQTDMAVNW	HDAC2[117-136]
18	4074	TLVHNGTSARATTTPASKST	MUC-1[971-990]	20	5397	TESVSHFSDLGQSFSFHSGN	IGFS11[332-351]
18	4075	QEANFHIIDNVDLVVSAYCL	NLRP4[574-593]	20	5398	TVEYELKYRNIGSETWKTII	IL13RA2[66-85]
18	4076	LKPWLLEVNYSPALTLDCST	NYD-TSPG[380-399]	20	5399	HSVPKRQRIRKLQIRNIPPH	KOC1[72-91]
18	4077	TPGPAAYRQTDVRVTKFKAP	ODF3[179-198]	20	5400	FHPGGLMKLRSREADLYRFI	KU-CT-1[853-872]
18	4078	SELSLVAFILLLVVAFSKKW	ODF4[85-104]	20	5401	RAHAETSKMKVLEYIANANG	MAGE-A11[389-408]
18	4079	GPQLPSWLQPERCAVFQCAQ	OIP5[63-82]	20	5402	EEGPSTFPDLESEFQAALSR	MAGE-A6[92-111]
18	4080	HHPNIVGYRAFTEANDGSLC	PBK[93-112]	20	5403	QIKEPVTKAEMLESVIKNYK	MAGE-A8[128-147]
18	4081	PNVECKSMRFGMLKDHQAVT	PIWIL2[249-268]	20	5404	KEPVTKAEMLESVIKNYKRY	MAGE-A9[126-145]
18	4082	LQLWDLKFDTNFLSVPGRVL	PIWIL3[453-472]	20	5405	DGEEHSVFGEPWKLITKDLV	MAGE-B2[234-253]
18	4083	MLLFSVLLLLSLVTGTQLGP	PRSS55[1-20]	20	5406	STSTERSLKDSLTRKTKMLV	MAGE-B4[98-117]
18	4084	GDFGSCRSVYSKQPYTEYIS	RAGE-1[144-163]	20	5407	QATIDTADDATVMASESLSV	MAGE-C2[345-364]
18	4085	VYDYNCHVDLIRLLRLEGEL	SART3[109-128]	20	5408	LDVQIQHVVEGKRALSELTQ	MPHOSPH1[1135-1154]
18	4086	MAAAPPSYCFVAFPPRAKDG	SCRN1[1-20]	20	5409	ESLDQKLFQLQSKNMWLQQQ	NY-BR-1[1261-1280]
18	4087	SCQDLQREISILQEQISHLQ	se57-1[228-247]	20	5410	HKAEVEAIMEQLKELKQKGD	ODF2[377-396]
18	4088	NPVLICLALSKATEYLVIIG	SLCO6A1[382-401]	20	5411	TKYVFDSAPSHSISARTKAF	ODF3[112-131]
18	4089	RRQEMRQFFTVGQQPQIPIT	SOX-6[717-736]	20	5412	SVHLAWDLSRSLGAVVFSRV	OIP5[90-109]
18	4090	VDYKTVLQIDCGLQLANDSV	SPAG1[542-561]	20	5413	NDLIEERYKASQDPFPAAII	PBK[124-143]
18	4091	LKDSILSIVHVKGIVLVALA	SPAG9[999-1018]	20	5414	RGTTEIGMIGSKPFSTVKYK	PEPP2[779-798]
18	4092	HILSTSKGLIAGNLRYIEED	SPO11[169-188]	20	5415	KRVNTRFFAQSGGRLQNPLP	PIWIL1[742-761]
18	4093	VLWSKGTEILVNSSRVTVTP	TAG-1[450-469]	20	5416	KTPKDSFTMSDGKEITFLEY	PIWIL2[436-455]
18	4094	LPTLRSALFSRYSPHDWDQS	TEKT5[78-97]	20	5417	PSVSQLSVLSLSGVMLTDVS	PRAME[346-365]
18	4095	HCPTCVALGTCFSAPSLPCP	TEX101[139-158]	20	5418	YSEELFPEELSVVLGTNDLT	PRSS55[111-130]
18	4096	TEALIVCEQDVSRMRRQLDE	TSGA10[316-335]	20	5419	KFSGYPLYHSVYETYELVEK	PSMA[545-564]
18	4097	MRPEGSLTYRVPERLRQGFC	TSPY1[1-20]	20	5420	RLNPHPNILMLHEVVFDRKS	RAGE-1[56-75]
18	4098	PPPPSQASSGQARMFPNAPY	WT1[114-133]	20	5421	ELTKVRMARQKMSEIFPLTE	SART3[127-146]
19	4099	VPTDLPAYVRNLFLTGNQLA	5T4[85-104]	20	5422	ELEDIKVSLQRSVSTQKALE	SCP-1[323-342]
19	4100	IYDENSYWRNQNPGSLLQLP	ACRBP[301-320]	20	5423	TGEGEFNFSEVFSPVEDHLD	SCRN1[215-234]
19	4101	IPRATIIYANISGHLCIAVE	ADAM2[557-576]	20	5424	SILQEQISHLQFVIHSQHQN	se57-1[237-256]
19	4102	NCSYGDFWEYTVERTKCLLE	ADAM29[368-387]	20	5425	QQQEQIARQQQQLLQQQHKI	SOX-6[232-251]
19	4103	FNQWKQNATDIMEAMLKRLV	AKAP-4[412-431]	20	5426	IIEAKMELEEVTRLLNLKDK	SPAG1[724-743]
19	4104	HLETVILGLLKTPAQYDASE	ANXA2[94-113]	20	5427	SSSLSIKWDPVVPFRNESAV	TAG-1[925-944]
19	4105	EKMDNQEYKDAYKFAADVRL	BRDT[324-343]	20	5428	QAIIQGFSYDLLKKIDSPQR	TEX14[152-171]
19	4106	YHENKKLIRCKVDGFTHLYT	CALR3[154-173]	20	5429	HVSDHNRLLHLARPKAQSDK	THEG[293-312]
19	4107	MVAVHQQQLLSWEEDRQKVL	CCDC62[47-66]	20	5430	TVEKEMKSLARKAMDTESEL	TSGA10[174-193]
19	4108	EKMKDTVQKLKNARQEVVEK	CDCA1[256-275]	20	5431	SAKEGTAFRMEAVQEGAAGV	TSPY1[33-52]
19	4109	RGPLFPVDARGPFLRRGPPF	cTAGE5[700-719]				

[0550] 实例19个性化接种的方法

[0551] 个性化接种的过程由图17所示的3个主要步骤组成，首先，在看肿瘤医生期间，患者提供唾液样品和肿瘤样品(活组织检查)用于肿瘤病理学。第二步是将疫苗肽与患者的独特遗传密码匹配：根据确定的患者HLA基因型和确定的患者肿瘤类型，从表25中列出的热点序列中选择12种肿瘤和患者特异性肽，然后制备疫苗，并在填充&完成后加上QC发放，并将疫苗小瓶运输到临床地点。在临床，作为该过程的第三步，由肿瘤医生将疫苗施用给患者。个性化疫苗的制造在GMP条件下进行。疫苗的选择和制备可在6至8周内进行。

[0552] 个性化接种的合格标准是：

[0553] • ≥12种免疫原性肽(12种PEPI)，其来自

[0554] • ≥12种不同的癌特异性抗原(疾病中的表达率(ER)≥10％)，和

[0555] • AGP≥3(在患者肿瘤中表达的抗原的预期数目)

[0556] • 是在PEPI组“库房”中的储备

[0557] 实例20用于“模拟”乳腺癌临床试验的可行性研究

[0558] 我们在此描述了一种模型，其中肽组(“库房”)由100种来源于乳腺癌特异性TSA的免疫原性肽组成(图18)。这100种肽代表了在本实施例中用于疫苗选择的肽组。在这种储备中，每种肽可获得100mg，其代表25个肽剂量(用于疫苗接种)。

[0559] 在可行性研究期间，我们筛选509个HLA基因分型的乳腺癌受试者并鉴定82个患者(16％)，因为对于那些患者发现少于12个肽而不合格。这意味着82％的患者可以用来自由100种肽组成的组的“患者特异性”疫苗治疗。然而，如果我们打算在治疗期间每位患者施用

3个剂量，则该量(每份100mg)将仅对32％的患者是足够的，因此库中没有足够肽的267个(52％)患者也必须从该可行性研究中排除。因此，160名患者可以通过给予3个连续的疫苗剂量来登记和治疗。制造(GMP)可以在约6个月内进行。

[0560] 实例21乳腺癌患者(实施例22的患者C)和结肠直肠癌患者(实施例22的患者D)的疫苗选择

[0561] 从表25中所列的肽中选择疫苗的方法在此通过二个实施例来说明。

[0562] 实施例22中描述的患者C的PIT疫苗是在完全个性化的设计过程中设计的，并单独制造，并且证明具有非常高的免疫原性：12种疫苗肽中有11种(92％)诱导CD8+T细胞应答，11/12(92％)导致CD4+T细胞特异性免疫应答。

[0563] 通过对患者C的HLA基因型和肿瘤病理学报告(乳腺癌)的研究，实施例16的患者匹配方法产生了3286个序列中的116个序列，选自38个乳腺癌特异性TSA(根据选择标准，表达率(ER)≥10％)。这116个肽可用于患者C的疫苗选择，并含有PIT疫苗序列。从116种肽中随机选择12种肽的三个实例示于表25，并具有预期的AGP数量。

[0564] 患者C的PIT疫苗具有预期的AGP值6.45，这意味着至少6种疫苗特异性TSA可能在患者肿瘤中表达，并且以至少50％的概率被免疫应答靶向。(AGP95为4，意味着来自至少4种不同TSA的PIT疫苗肽可能在患者的肿瘤中表达并在患者C中以至少95％的概率被免疫应答靶向。)

[0565] 表29来自PEPI组的患者C的疫苗选择。原始疫苗是指在患者C的完全个性化设计过程中设计的PIT疫苗(实施例22)。与患者C乳腺癌适应症匹配的肽组产生了选自58个乳腺癌特异性TSA中的38个的3286个序列中的116个序列)。这116个肽可用于患者C的疫苗选择。从116种肽中随机选择12种肽的三个实例显示在该表中，并计算了AGP数目。

[0566]

疫苗	SEQ ID NO (来自表25的抗原[表达率％])	计算的预期的AGP	CI95％
患者C的PIT疫苗	5449 (SPAG9[88％])、5432 (AKAP-4[85％])、5433 (CTCFL[74％])、5440 (MAGE-A11[59％])、41 (FMR1NB[55％])、5437 (FSIP1[42％])、5444 (NY-BR-1[47％])、5439 (LDHC[35％])、5438 (GATA-3[31％])、440 (Survivin[68％])、5443 (MAGE-C1[16％])、111 (PRAME[49％])	6.45	[3, 9]
随机1	2 (ACRBP[40％])、7 (AKAP-3[40％])、18 (CDCA1[64％])、40 (FBXO39[38％])、41 (FMR1NB[55％])、42 (FSIP1[42％])、57 (JARID1B[76％])、60 (Lage-1[12％])、66 (MAGE-A11[59％])、68 (MAGE-A2[12％])、74 (MAGE-A9[44％])、80 (MAGE-C1[16％])	4.91	[2, 8]
随机2	107 (PIWIL2[94％])、167 (AKAP-4[85％])、183 (CTCFL[74％])、192 (EpCAM[76％])、215 (JARID1B[76％])、405 (ODF4[63％])、440 (Survivin[68％])、663 (MAGE-A11[59％])、1539 (MAGE-A9[44％])、857 (TDRD1[38％])、1326 (PEPP2[60％])、1441 (ODF4[63％])	7.96	[5, 11]
随机3	18 (CDCA1[64％])、107 (PIWIL2[94％])、215 (JARID1B[76％])、297 (TDRD1[38％])、391 (MAGE-C1[16％])、470 (AKAP-4[85％])、490 (DKKL1[20％])、498 (FBXO39[38％])、1088 (PRAME[49％])、1100 (SP17[47％])、1800 (TSGA10[70％])	5.92	[3, 9]

[0567] 对于患者D，进行类似的分析。在根据实施例19的患者匹配过程中，从表25选择3286个序列中的136个。(来源于53种CRC特异性TSA中的37种)，基于患者D的HLA基因型和肿瘤病理学报告(结肠直肠癌，CRC)数据，这136种肽可用于患者D的疫苗选择，从136种肽中随机选择13种肽的三个实例示于表30中，以及计算的AGP数量。患者D使用由13种肽组成的PIT疫苗，因此也进行随机选择以产生13组肽。

[0568] 实施例22中描述的患者D的PIT疫苗是在完全个性化的设计过程中设计的，并单独制造，并且证明具有非常高的免疫原性：13种疫苗肽中的13种(100％)诱导CD8+T细胞应答，

7/13(54%)导致CD4+T细胞特异性免疫应答。

[0569] 患者D的PIT疫苗具有预期的AGP值6.60,这意味着至少6种疫苗特异性TSA可能在患者肿瘤中表达,并且以至少50%的概率被免疫应答靶向。(AGP95为4,意味着来自至少4种不同TSA的PIT疫苗肽可能在患者的肿瘤中表达并在患者D中以至少95%的概率被免疫应答靶向。)

[0570] 表30来自PEPI组的患者D的疫苗选择。原始疫苗是指在患者D的完全个性化设计过程中设计的PIT疫苗(实施例22)。与患者D结直肠癌适应症匹配的肽组产生了选自53个结直肠癌特异性TSA中的37个的3286个序列中的136个序列)。这136个肽可用于患者D的疫苗选择,并含有PIT疫苗序列。从116种肽中随机选择13种肽的三个实例显示在该表中,并计算了AGP数量。

[0571]

疫苗	SEQ ID NO (来自表25的抗原[表达率%])	计算的预期的AGP	CI95%
患者D的PIT疫苗	5450 (TSP50[89%])、5436 (EpCAM[88%])、5434 (CAGE1[74%])、5447 (PIWIL1[48%])、5448 (SPAG9[71%])、2168 (AKAP-4[74%])、5442 (MAGE-A8[44%])、5435 (DPPA2[44%])、40 (FBXO39[39%])、5445 (NYD-TSPG[30%])、5446 (PAGE4[33%])、647 (HAGE[15%])、1172 (Lage-1[13%])	6.60	[4, 10]
随机1	315 (5T4[85%])、347 (DPPA2[44%])、353 (FBXO39[39%])、371 (Lage-1[13%])、383 (MAGE-A6[22%])、384 (MAGE-A8[44%])、412 (PIWIL2[80%])、470 (AKAP-4[74%])、486 (CXorf48[17%])、639 (FBXO39[39%])、647 (HAGE[15%])、652 (IGFS11[55%])、657 (Lage-1[13%])	5.30	[2, 8]
随机2	1157 (FBXO39[39%])、1160 (GASZ[22%])、1172 (Lage-1[13%])、1183 (MAGE-A6[22%])、1211 (PIWIL3[96%])、1249 (5T4[85%])、1256 (AKAP-4[74%])、1262 (CCDC62[13%])、1270 (DBPC[90%])、1274 (EpCAM[88%])、1300 (MAGE-A3[22%])、1365 (ZNF165[43%])、1372 (AKAP-3[83%])	6.91	[4,10]
随机3	470 (AKAP-4[74%])、486 (CXorf48[17%])、639 (FBXO39[39%])、647 (HAGE[15%])、652 (IGFS11[55%])、657 (Lage-1[13%])、658 (LDHC[15%])、686 (NYD-TSPG[30%])、696 (PIWIL3[96%])、713 (SPAG1[55%])、796 (MAGE-A1[14%])、830 (PIWIL3[96%])、929 (MAGE-A2[18%])	5.32	[3, 8]

[0572] 实例22卵巢癌、乳腺癌和结肠直肠癌的个性化免疫疗法(PIT)设计和治疗

[0573] 本实施例提供了来自4名转移性癌症患者的概念数据的证据,所述患者用个性化免疫治疗疫苗组合物治疗以支持受试者的多个HLA结合表位以诱导细胞毒性T细胞应答的原理,本公开部分基于所述原理。

[0574] 用POC01-PIT治疗卵巢癌的组合物(患者A)

[0575] 本实例描述了用个性化免疫疗法组合物治疗卵巢癌患者,其中基于本文所述的公开内容,基于其HLA基因型为患者特别设计组合物。

[0576] 转移性卵巢腺癌患者(患者A)的HLA I类和II类基因型由唾液样本确定。

[0577] 为了制备用于患者A的个性化药物组合物,选择13种肽,每种肽满足以下二个标准:(i)衍生自卵巢癌中表达的抗原,如在同行评审的科学出版物中所报告的;和(ii)包含能够结合患者A的至少三种HLA I类分子的T细胞表位的片段(表31)。此外,优化每种肽以结合患者的最大数量的HLA II类。

[0578] 表31卵巢癌患者A的个性化疫苗。

[0579]

患者A的POC01疫苗	靶抗原	抗原表达	20mer肽	SEQ ID NO	HLA I类最大值	HLA II类最大值
POC01_P1	AKAP4	89%	NSLQKQLQAVLQWIAASQFN	5933	3	5
POC01_P2	BORIS	82%	SGDERSDEIVLTVSNSNVEE	5934	4	2
POC01_P3	SPAG9	76%	VQKEDGRVQAFGWSLPQKYK	5935	3	3
POC01_P4	OY-TES-1	75%	EVESTPMIMENIQELIRSAQ	5936	3	4
POC01_P5	SP17	69%	AYFESLLEKREKTNFDPAEW	5937	3	1
POC01_P6	WT1	63%	PSQASSGQARMFPNAPYLPS	5938	4	1
POC01_P7	HIWI	63%	RRSIAGFVASINEGMTRWFS	5939	3	4
POC01_P8	PRAME	60%	MQDIKMILKMVQLDSIEDLE	5940	3	4

[0580]

POC01_P9	AKAP-3	58%	ANSVVSDMMVSIMKTLKIQV	5941	3	4
POC01_P10	MAGE-A4	37%	REALSNKVDELAHFLLRKYR	5942	3	2
POC01_P11	MAGE-A9	37%	ETSYEKVINYLVMLNAREPI	5943	3	4
POC01_P12a	MAGE-A10	52%	DVKEVDPTGHSFVLVTSLGL	5944	3	4
POC01_P12b	BAGE	30%	SAQLLQARLMKEESPVVSWR	5945	3	2

[0581] 根据表7中所示的PEPI测试的验证，该免疫疗法组合物中的11种PEPI3肽可以以84％的概率诱导患者A中的T细胞应答，并且二种PEPI4肽(POC01-P2和POC01-P5)以98％的概率诱导T细胞应答。T细胞应答靶向在卵巢癌中表达的13种抗原。未测试这些癌症抗原在患者A中的表达。相反，基于患者癌细胞中抗原表达的概率和≥1PEPI3+测试(AGP计数)的阳性预测值确定成功杀死癌细胞的概率。AGP计数预测疫苗在受试者中的有效性：用PEPI在患者肿瘤(卵巢腺癌)中表达的疫苗抗原的数量。AGP计数表示疫苗识别并诱导针对患者肿瘤的T细胞应答(击中靶标)的肿瘤抗原的数量。AGP计数取决于受试者肿瘤中的疫苗-抗原表达率和受试者的HLA基因型。正确的值必须在0(没有任何表达抗原呈递PEPI)和抗原的最大数量(所有抗原都表达并呈递PEPI)之间。

[0582] 患者A将表达13种抗原中的一种或多种的概率如图19所示。AGP95(AGP具有95％概率)＝5，AGP50(平均预期值-离散概率分布)＝7.9，mAGP(AGP至少为2的概率)＝100％，AP＝13。

[0583] 用于患者A的药物组合物可以由13种肽中的至少2种组成(表31)，因为确定在疫苗或免疫疗法组合物中存在的至少二种可以结合个体的至少三种HLA(≥2PEPI3+)的多肽片段(表位)可预测临床应答。合成肽，溶解于药学上可接受的溶剂中，并在注射前与佐剂混合。希望患者接受至少二种肽疫苗的个性化免疫疗法，但更优选增加杀死癌细胞的可能性并减少复发的机会。

[0584] 为了治疗患者A，将13种肽配制成4×3或4肽(POC01/1、POC01/2、POC01/3、POC01/4)。一个治疗周期定义为在30天内施用所有13种肽。

[0585] 患者病史：

[0586] 诊断：转移性卵巢腺癌

[0587] 年龄：51岁

[0588] 家族既往症：结肠癌和卵巢癌(母亲)；乳腺癌(祖母)

[0589] 肿瘤病理学：

[0590] 2011：首次诊断为卵巢腺癌；Wertheim手术和化疗；淋巴结清除术

[0591] 2015：心包脂肪组织转移，切除

[0592] 2016：肝转移瘤

[0593] 2017:腹膜后及肠系膜淋巴结肿大;初期腹膜癌合并少量腹水

[0594] 先前治疗:

[0595] 2012:紫杉醇-卡铂(6×)

[0596] 2014:楷莱-卡铂(1×)

[0597] 2016-2017(9个月):Lymparza(奥拉帕尼)2×400mg/天,口服

[0598] 2017:和美新(hycamtin)输注5×2.5mg(3×一个系列/月)

[0599] PIT疫苗治疗始于2017年4月21日。图33。

[0600] 2017-2018:患者A接受8个接种周期作为附加治疗,并在治疗开始后17个月(528天)存活。在这个时间间隔内,在第3次和第4次疫苗治疗后,她经历部分反应作为最佳反应。她在十月2018年死亡。

[0601] 干扰素(IFN)-γELISPOT生物测定证实了患者A对13种肽的预测的T细胞应答。在所有13种20mer肽和所有13种9mer肽(具有能够与患者A的最多的HLA I类等位基因结合的每种肽的PEPI的序列)中均检测到阳性T细胞应答(定义为,高于对照>5倍,或高于对照>3倍和>50个点)(图21)。

[0602] 患者肿瘤MRI的结果(基线:2016年4月15日)(BL:图22中肿瘤反应评价的基线)

[0603] 疾病主要限于肝和淋巴结。MRI的使用限制了在肺(肺的)转移的检测

[0604] 2016年5月至2017年1月:奥拉帕尼治疗(FU1:图22的随访1)

[0605] 2016年12月25日(在PIT疫苗治疗之前)在(FU2:图22中的随访2)证实了肿瘤负荷显著降低

[0606] 2017年1至3月———TOPO方案(拓扑异构酶)

[0607] 2017年4月6日:(图22中的随访3)展示了现有病变的再生长及新病变的出现导致疾病进展。腹水增多的腹膜癌病。进行性肝肿瘤和淋巴结

[0608] 2017年4月21日开始PIT

[0609] 2017年6月26(第2个PIT周期后):(图22的随访4)进展/伪进展

[0610] 淋巴结、肝、腹膜后和胸区域快速发展,大量胸膜液和腹水。起动卡铂、吉西他滨、阿瓦斯汀。

[0611] 2017年9月20(第3个PIT周期后):(图22的随访5)部分应答

[0612] 胸膜/流体和腹水的完全缓解

[0613] 肝、腹膜后区域和淋巴结的缓解

[0614] 这些发现提示伪进展。

[0615] 2017年11月28(第4个PIT周期后):(图22的随访6)部分应答

[0616] 胸部完全缓解。肝、腹膜后区域和淋巴结的缓解

[0617] 2018年4月13日:进展

[0618] 在胸部和腹膜后区域完全缓解。肝中心和淋巴结的进展

[0619] 2018年6月12日:病情稳定

[0620] 在胸部和腹膜后区域完全缓解。肝中心和淋巴结的最小消退

[0621] 2018年7月:进展

[0622] 2018年10月:患者死亡

[0623] 患者A的部分MRI数据示于表32和图22中。

[0624] 表32损伤反应的汇总表

[0625]

病变/时间点	基线（自基线的变化百分比）	随访1（自基线的变化百分比）	随访2（自基线的变化百分比）	随访3（自基线的变化百分比）	随访4（自基线的变化百分比）	随访5（自基线的变化百分比）	随访6（自基线的变化百分比）	最佳应答周期	PD时间点
TL1	NA	-56.1	-44.4	-44.8	+109.3	-47.8	-67.3	随访6	随访4
TL2	NA	-100.0	-100.0	-47.1	-13.1	-100.0	-100.0	随访1	随访3
TL3	NA	-59.4	-62.3	-62.0	-30.9	-66.7	-75.9	随访6	随访4
TL4	NA	-65.8	-100.0	-100.0	-100.0	-100.0	-100.0	随访2	NA
SUM	NA	-66.3	-76.0	-68.9	-23.5	-78.2	-85.2	随访6	随访4

[0626] 用于治疗转移性乳腺癌(患者B)的个性化免疫疗法组合物(PBRC01)的设计、安全性和免疫原性

[0627] 从唾液样本确定转移性乳腺癌患者B的HLA I类和II类基因型。为了制备用于患者B的个性化药物组合物，选择12种肽，每种肽满足以下二个标准：(i)衍生自乳腺癌中表达的抗原，如在同行评审的科学出版物中所报告的；和(ii)包含能够结合患者B的至少三种HLA I类分子的T细胞表位的片段(表33)。此外，优化每种肽以结合患者的最大数量的HLA II类。这12种肽靶向12种乳腺癌抗原。患者B将表达12种抗原中的一种或多种的概率如图23所示。

[0628] 表33对治疗乳腺癌患者B的12种肽

[0629]

BRC09疫苗肽类	靶抗原	抗原表达	20mer肽	SEQ ID NO	HLA I类最大值	HLA II类最大值
PBRC01_cP1	FSIP1	49%	ISDTKDYFMSKTLGIGRLKR	5946	3	6
PBRC01_cP2	SPAG9	88%	FDRNTESLFEELSSAGSGLI	5947	3	2
PBRC01_cP3	AKAP4	85%	SQKMDMSNIVLMLIQKLLNE	5948	3	6

[0630]

PBRC01_cP4	BORIS	71%	SAVFHERYALIQHQKTHKNE	5949	3	6
PBRC01_cP5	MAGE-A11	59%	DVKEVDPTSHSYVLVTSLNL	5950	3	4
PBRC01_cP6	NY-SAR-35	49%	ENAHGQSLEEDSALEALLNF	5951	3	2
PBRC01_cP7	HOM-TES-85	47%	MASFRKLTLSEKVPPNHPSR	5952	3	5
PBRC01_cP8	NY-BR-1	47%	KRASQYSGQLKVLIAENTML	5953	3	6
PBRC01_cP9	MAGE-A9	44%	VDPAQLEFMFQEALKLKVAE	5954	3	8
PBRC01_cP10	SCP-1	38%	EYEREETRQVYMDLNNNIEK	5955	3	3
PBRC01_cP11	MAGE-A1	37%	PEIFGKASESLQLVFGIDVK	5956	3	3
PBRC01_cP12	MAGE-C2	21%	DSESSFTYTLDEKVAELVEF	5957	4	2

[0631] 预测疗效：AGP95＝4；PIT疫苗诱导针对BRC09乳腺癌细胞中表达的4种TSA的CTL应答的可能性为95％。其他疗效参数：AGP50＝6.45，mAGP＝100％，AP＝12。

[0632] 为了治疗患者B，将12种肽配制成4×3肽(PBR01/1、PBR01/2、PBR01/3、PBR 01/4)。一个治疗周期定义为在30天内施用所有12种不同的肽疫苗(图23)。

[0633] 患者病史：

[0634] 2013：诊断：乳腺癌诊断；CT扫描和骨扫描排除了转移性疾病。

[0635] 2014：双侧乳房切除术、术后化疗

[0636] 2016：伴有膈上和膈下淋巴结累及的广泛转移性疾病。多发性肝和肺转移。

[0637] 治疗：

[0638] 2013-2014：阿霉素-环磷酰胺和紫杉醇

[0639] 2017：来曲唑(Letrozole)、帕博西尼(Palbociclib)和戈舍瑞林(Gosorelin)以及

PIT疫苗

[0640] 2018:病情加重,患者于一月死亡

[0641] PIT疫苗治疗开始于2017年4月7日。患者B的治疗方案和疾病的主要特征如表34所示。

[0642] 表34患者B的治疗和响应

[0643]

日期（2017）	3月	5月	6月	9月	11月	12月
治疗方案	PIT疫苗					
	帕博西尼 来曲唑 戈舍瑞林		抗癌药物治疗中断			
中性粒细胞（1.7-3.5/mm³）	ND	1.1	4.5	3.4	2.4	3
CEA（<5.0 ng/ml）	99	65	23	32	128	430
CA 15-3（<31.3 U/ml）	322	333	138	76	272	230
T1：右腋窝淋巴结	15 mm & 11.6 SUV_{max}	9 mm & 2.0 SUV_{max}	nd*	nd	nd	6 mm & 0 SUV_{max}
T2：右肺转移	10 mm & 4.8 SUV_{max}	7 mm & 0 SUV_{max}	nd	nd	nd	4 mm & 0 SUV_{max}
左骨转移	无法测量 & 4.0 SUV_{max}	消退 & 0 SUV_{max}	nd	nd	nd	消退 & 0 SUV_{max}
多发性肝转移	无法测量 & 11.5 SUV_{max}	部分消退 & 6.1 SUV_{max}	nd	nd	nd	消退 & 16.8 SUV_{max}

[0644] *无数据

[0645] 以95％的置信度预测8至12个疫苗肽将在患者B中诱导T细胞应答。使用干扰素(IFN)-γ ELISPOT生物测定法在所有可获得的PBMC样品中测量肽特异性T细胞应答(图24)。结果证实了预测:9种肽反应呈阳性,表明T细胞可识别患者B的肿瘤细胞,所述肿瘤细胞表达FISP1、BORIS、MAGE-A11、HOM-TES-85、NY-BR-1、MAGE-A9、SCP1、MAGE-A1和MAGE-C2抗原。一些肿瘤特异性T细胞在第1次接种后存在,并用另外的处理(例如MAGE-A1)加强,其它在加强后诱导(例如MAGE-A9)。这种广泛的肿瘤特异性T细胞应答在晚期癌症患者中是显着的。

[0646] 患者B的病史和结果

[0647] 2017年3月7日:先前PIT疫苗治疗

[0648] 肝脏多发性转移性疾病,伴有胆总管起源真性外部压迫和肝内胆管大量扩张。腹腔、肝门及腹膜后腺病

[0649] 2017年3月:治疗起始——来曲唑、帕博西尼、戈舍瑞林和PIT疫苗

[0650] 2017年5月:药物中断

[0651] 2017年5月26日:1个PIT周期后

[0652] 肿瘤代谢活性(PET CT)肝脏、肺淋巴结和其他转移瘤降低83％。

[0653] 2017年6月:如患者所确认的那样,标准化的嗜中性粒细胞值显示帕博西尼中断

[0654] 肿瘤标志物的4个月延迟反弹

[0655] 2017年3月至5月:CEA和CA保持升高,与她的抗癌治疗的结果一致(Ban,Future Oncol 2018)

[0656] 2017年6月至9月:CEA和CA随着对免疫疗法的延迟反应而一致性降低

[0657] 生活质量

[0658] 2017年2月至3月:差,因黄疸而住院

[0659] 2017年4月至10月:极佳

[0660] 2017年11月:(病情恶化(肿瘤逃逸?))

[0661] 2018年1月:患者B死亡。

[0662] 免疫原性结果总结于图24中。

[0663] 患者的临床结果测量:在PIT疫苗治疗开始前一个月,PET CT证明广泛的DFG亲和(avid)疾病在膈的上方和下方都有结节牵连(表34)。她患有进行性多发性肝、多灶性骨和肺转移和腹膜后腺病。HER肝内酶升高,与由具有升高的胆红素和黄疸的HER肝转移引起的损伤一致。她接受来曲唑、帕博西尼和戈舍瑞林作为抗癌治疗。PIT接种开始后二个月,患者感觉非常好,并且其生活质量正常化。事实上,她的PETCT显示在肝、肺、骨和淋巴结转移中的显著的形态代谢消退。在膈上阶段没有鉴定出代谢性腺病。

[0664] 帕博西尼和个体化疫苗的组合可能是给予疫苗后观察到的显著早期应答的原因。已经证明帕博西尼通过增加HLA的CTA呈递和减少Treg的增殖来改善免疫疗法的活性(Goel et al.Nature.2017:471-475)。患者B治疗的结果提示,PIT疫苗可作为现有技术治疗的附加物,以获得最大疗效。

[0665] 跟踪患者B的肿瘤生物标志物以使现有技术疗法的效果与PIT疫苗的效果分开。肿瘤标记物在治疗的最初2-3个月期间没有变化,然后急剧下降,表明延迟的效果,其是免疫疗法的典型效果(表34)。此外,在肿瘤生物标志物下降时,患者已经自愿中断治疗并通过嗜中性粒细胞计数的增加来确认。

[0666] 在第5次PIT治疗后,患者经历症状。肿瘤标记物和肝酶水平再次增加。最后一次PIT接种后33天,她的PET CT在肝脏、腹膜、骨骼和左肾上腺部位显示了显著的代谢进程,证实了实验室的发现。远距离转移中的不连续复发可能是由于潜在的免疫抗性;可能是由损害PIT诱导的T细胞对肿瘤的识别的HLA表达的下调所引起的。然而,PET CT检测到所有腋窝和纵隔腋窝上横膈膜目标的代谢活性完全消退(表34)。这些局部肿瘤反应可以解释为已知的对免疫疗法的延迟和持久的反应,因为在抗癌药物治疗中断之后这些肿瘤部位不可能复发。

[0667] 用于治疗转移性乳腺癌(患者C)患者的个性化免疫疗法组合物

[0668] 制备了设计上与描述的患者A和患者B相似的PIT疫苗,用于治疗转移性乳腺癌患者(患者C)。PIT疫苗含有12个PEPI。PIT疫苗的预测功效为AGP=4。患者的治疗方案示于图25。

[0669] 肿瘤病理学

[0670] 2011原生肿瘤:HER2-、ER+、前哨淋巴结阴性

[0671] 2017多种骨转移:ER+、细胞角蛋白7+、细胞角蛋白20-、CA125-、TTF1-、CDX2-

[0672] 治疗

[0673] 2011广泛局部切除,前哨淋巴结阴性;放射治疗

[0674] 2017-抗癌疗法(Tx):来曲唑(2.5mg/天),Denosumab;

[0675] 辐射(Rx):一根骨头

[0676] 作为护理标准品的附加的PIT疫苗(3个周期)

[0677] 生物测定证实,在12种PTI疫苗的20mer肽中的11种和12种9mer肽(具有能够与患者A的最多的HLA I类等位基因结合的每种肽的PEPI的序列)中均检测到阳性T细胞应答(定义为,高于对照>5倍,或高于对照>3倍和>50个点)(图26)。

[0678] 在最后一次接种14个月后检测到持久的记忆T细胞应答(图26C-D)。

[0679] 治疗结果

[0680] 患者C的临床治疗结果如表35所示,患者C具有部分反应和治愈骨转移的迹象。

[0681] 表26乳腺癌患者C的临床治疗结果

[0682]

	PIT之前	+70天*(10周)	+150天*(21周)	+388天*(55周)
骨活检	转移性乳腺癌DCIS	未进行	RIB5阴性	未进行
PET CT	多发转移	仅RIB5为DFG亲和	未进行	未进行
CT	多发转移	未进行	未进行	愈合骨转移(硬化灶)
CA-15-3	87	50	32	24

[0683] *PIT疫苗接种3个周期后

[0684] 免疫应答如图26所示,预测的免疫原性,PEPI=12(CI95%[8,12]

[0685] 检测的免疫原性:3次PIT接种后的11(20mer)和11(9mer)抗原特异性T细胞应答(图26A、B)。在最后一次接种4.5、11或14个月后,仍然可以检测到PIT疫苗特异性免疫应答(图26C、D)。

[0686] 用于治疗转移性结肠直肠癌(患者D)患者的个性化免疫治疗组合物

[0687] 肿瘤病理学

[0688] 2017(2月) 具有肝转移的,手术引发肿瘤(在乙状结肠中)。pT3 pN2b(8/16)M1.KRAS G12D、TP53-C135Y、KDR-Q472H、MET-T1010I突变。SATB2表达。EGFRwt,PIK3CA-I391M(非驱动)。

[0689] 2017(6月) 部分肝切除:KRAS-G12D(35G>A)NRAS wt,

[0690] 2018(5月) 2次切除:SATB2表达,肺转移3→21

[0691] 治疗

[0692] 2017 在二次治疗过程中的FOLFOX-4(奥沙利铂(oxaliplatin),亚叶酸钙(Ca-folinate),5-FU)过敏反应

[0693] 德格蒙特(DeGramont)(5-FU+亚叶酸钙)

[0694] 2018(6月) FOLFIRI加雷莫芦单抗(ramucirumab),每二周;化疗栓塞

[0695] 2018(10月) PIT疫苗接种(13种患者特异性肽,4种剂量)作为标准护理的附加物。

[0696] 患者的治疗方案示于图27。

[0697] 治疗结果

[0698] 患者处于良好的总体状况,8个月后肺中的疾病进展通过CT证实。

[0699] PIT诱导的和预先存在的T细胞应答都通过来自PBMC的富集的荧光斑点来测量,使用9mer和20mer肽用于刺激(图28)。

[0700] 免疫应答率和免疫原性结果的总结证明了针对靶抗原选择以及诱导多肽靶向免疫应答(CD4+和CD8+特异性应答)的合理设计。

[0701] 表36患者A-D的免疫学分析汇总表

[0702]

	不同疫苗肽的测得的免疫原性*	
	CD4+ T细胞	CD4+ T细胞
患者A	13/13（100%）	13/13（100%）
患者B	9/12（75%）	1/12（8%）
患者C	11/12（92%）	11/12（92%）
患者D	7/13（54%）	13/13（100%）
IRR（免疫应答者患者率）	4/4	4/4
免疫原性肽率（中位数）	10/12-13	10/12-13

[0703] *1至3个周期的疫苗接种后

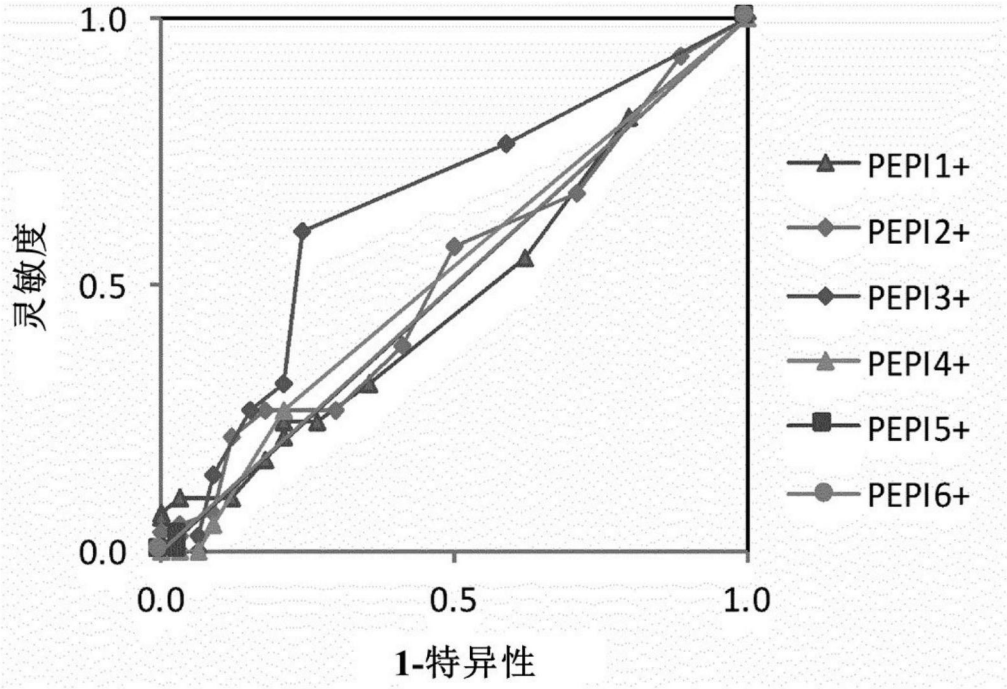

1.0
0.5
0.0
灵敏度
0.0
0.5
1.0
1-特异性
PEPI1+
PEPI2+
PEPI3+
PEPI4+
PEPI5+
PEPI6+

图1

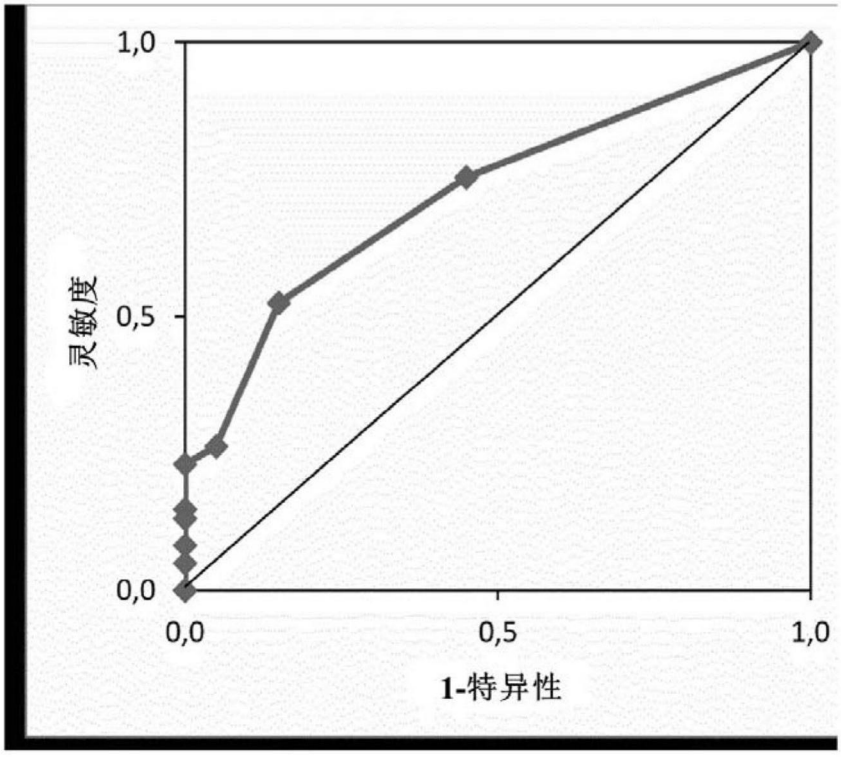

1,0
0,5
0,0
灵敏度
0,0
0,5
1,0
1-特异性

图2

患者ID	#PEPI/HPV-16 E6库															#PEPI/HPV-16 E7库								
	19-1月	29-11月	21-39	31-49	41-59	51-69	61-79	71-89	81-99	91-109	101-119	111-129	121-139	131-149	141-158	19-1月	29-11月	21-39	31-49	41-59	51-69	61-79	71-89	81-98
1	TN	TN	TN	FN	TN	FP	TN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN
2	FN	FN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN
3	TN	TN	TN	TN	TN	TP	TN	TN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN
4	TN	FN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN
6	TN	TN	TN	FN	TN	FP	TN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FP
7	TN	TN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN
8	TN	FN	TN	FN	TN	FN	TN	FP	TN	TN	FN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TP	TN	TN	TN	TN
9	TN	TN	TN	TN	TN	FN	TN	FP	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN
10	TN	TN	TN	TN	TN	TP	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	FP	TN
11	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN
13	TN	TN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN
16	TN	TN	TN	TN	TN	TP	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN
18	TN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TP	TN	TN	TN	TN
22	TN	FN	TN	TN	TN	TP	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN
23	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN
24	TN	TN	TN	TN	TN	TP	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FN	FP
27	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN
28	TN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN
29	FN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN
30	TN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN
100	TN	TN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN
102	TN	TN	TN	TN	TN	TP	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN
103	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN
105	TN	TN	TN	TN	TN	TP	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	FP	TN	TN	TN	TN
107	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	TN	FN	TN

图3A

患者ID	#表位/HPV-16 E6库															#表位/HPV-16 E7库								
	19-1月	29-11月	21-39	31-49	41-59	51-69	61-79	71-89	81-99	91-109	101-119	111-129	121-139	131-149	141-158	19-1月	29-11月	21-39	31-49	41-59	51-69	61-79	71-89	81-98
1	TN	FP	FP	TP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TP	FP	TN	TN	FP	FP	FP	TN	TN	FP	FP	FP	FP	FP
2	TP	TP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	TN	FP	FP	FP	FP	FP	TN	TN	FP	FP	FP	FP	FP
3	FP	FP	TN	FP	FP	TP	TN	FP	FP	FP	FP	TP	TN	FP	FP	FP	TN	TN	TN	FP	TN	TN	FP	FP
4	FP	TP	TN	FP	FP	TP	TN	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	TN	FP	TN	FP	FP	FP
6	FP	FP	FP	FN	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	TN	TN	TN	FP	FP	TN	FP	FP	TN	FP	FP	FP
7	FP	FP	FP	FP	FP	TP	TN	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	FP	FP	TN	TN	TN	FP	TN	TN	FP	FP
8	FP	TP	TN	TP	FP	TP	FP	FP	FP	FP	TP	FP	FP	FP	TP	FP	FP	TN	TN	TP	TN	FP	FP	FP
9	FP	FP	TN	FP	TP	TP	TN	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	TN	FP	TN	FP	FP	FP
10	FP	FP	TN	FP	FP	TP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	FP	FP	TN	TN	TN	FP	TN	TN	FP	FP
11	FP	TP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	FP	FP	FP	TN	FP	FP	FP	FP	TN	TN	FP	TN	TN	FP	FP
13	FP	FP	FP	FP	FP	TP	FP	FP	FP	TP	FP	FP	TN	FP	FP	FP	FP	TN	TN	FP	FP	TN	FP	FP
16	FP	FP	FP	FP	FP	TP	TN	FP	TN	TP	FP	TN	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	FP	FP
18	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	FP	FP	FP	TN	TN	TP	FP	FP	FP	FP
22	FP	TP	FP	FP	FP	TP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	FP	FP	FP	TN	TN	FP	TN	FP	FP	FP
23	TN	FP	FP	TP	FP	FP	FP	FP	FP	TP	FP	FP	TN	TP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	FP
24	TN	FP	FP	FP	FP	TP	FP	TN	FP	TP	TN	TN	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	TP	FP
27	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	FP	FP	FP	TN	TN	FP	TN	FP	FP	FP
28	FP	FP	TN	TN	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	TN	FP	FP	FP	TN	TN	TN	FP	FP	TN	FP	FP
29	TP	FP	TP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	FP	FP	FP	FP	FP
30	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	TN	TN	FP	FP	FP	TN	TN	FP	FP	TN	FP	FP
100	FP	FP	FP	FP	FP	TP	FP	FP	FP	FP	TN	TN	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN
102	FP	FP	FP	FP	FP	TP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	TN	FP	FP	TN	FP	TN
103	FP	TP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	FP	FP	FP	TN	TN	FP	TN	TN	FP	FP
105	FP	FP	FP	FP	FP	TP	TP	FP	FP	FP	TN	FP	TN	FP	FP	FP	FP	TN	TN	FP	TN	FP	FP	FP
107	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TP	TN	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	FP	TN	FP	TP	FP

图3B

A

患者ID	#PEPI/HPV-16 E6和E7库					
	E6.1	E6.2	E6.3	E6.4	E7.1	E7.2
1	FP	TP	TP	FN	TN	FN
2	FP	TP	TP	TN	TN	TP
3	TP	TP	TP	TP	TN	TP
4	TP	TP	TP	TP	FN	FN
6	TP	TP	TP	FN	TP	TP
7	TP	TP	TP	TP	TN	TP
8	TP	TP	TP	FN	FP	TP
9	TP	TP	TP	FN	FP	TP
10	FP	TP	TP	FN	TN	TP
11	TP	TP	FN	FN	FP	TP
13	TP	TP	TP	FN	TN	FN
16	TP	TP	TP	FN	FP	TP
18	FP	TP	TP	FN	FN	TP
22	TP	TP	TP	FN	FN	FN
23	FP	TP	TP	FN	TN	TN
24	FP	TP	TP	FN	TN	TP
27	TP	TP	TP	FN	FN	FN
28	TP	TP	TP	FN	TN	TP
29	FP	TP	TP	FN	FP	TP
30	FP	FP	FP	TN	FN	TP
100	TP	TP	TP	FN	TN	TP
102	TP	TP	TP	FN	TP	TP
103	TP	TP	TP	FN	TN	TN
105	TP	TP	TP	TP	TN	TN
107	TP	TP	FN	FN	FP	TP

B

患者ID	#表位/HPV-16 E6和E7库					
	E6.1	E6.2	E6.3	E6.4	E7.1	E7.2
1	FP	TP	TP	TP	FP	TP
2	FP	TP	TP	FP	FP	TP
3	TP	TP	TP	TP	FP	TP
4	TP	TP	TP	TP	FN	TP
6	TP	TP	TP	TP	TP	TP
7	TP	TP	TP	TP	FP	TP
8	TP	TP	TP	FN	FP	TP
9	TP	TP	TP	FN	FP	TP
10	FP	TP	TP	TP	FP	TP
11	TP	TP	TP	TP	FP	TP
13	TP	TP	TP	TP	FP	TP
16	TP	TP	TP	FN	FP	TP
18	FP	TP	TP	FN	TP	TP
22	TP	TP	TP	TP	TP	TP
23	FP	TP	TP	TP	FP	FP
24	FP	TP	TP	TP	FP	TP
27	TP	TP	TP	TP	TP	TP
28	TP	TP	TP	TP	FP	TP
29	FP	TP	TP	TP	FP	TP
30	FP	FP	FP	FP	TP	TP
100	TP	TP	TP	TP	FP	TP
102	TP	TP	TP	TP	TP	TP
103	TP	TP	TP	TP	FP	FP
105	TP	TP	TP	TP	FP	FP
107	TP	TP	TP	TP	FP	TP

图4

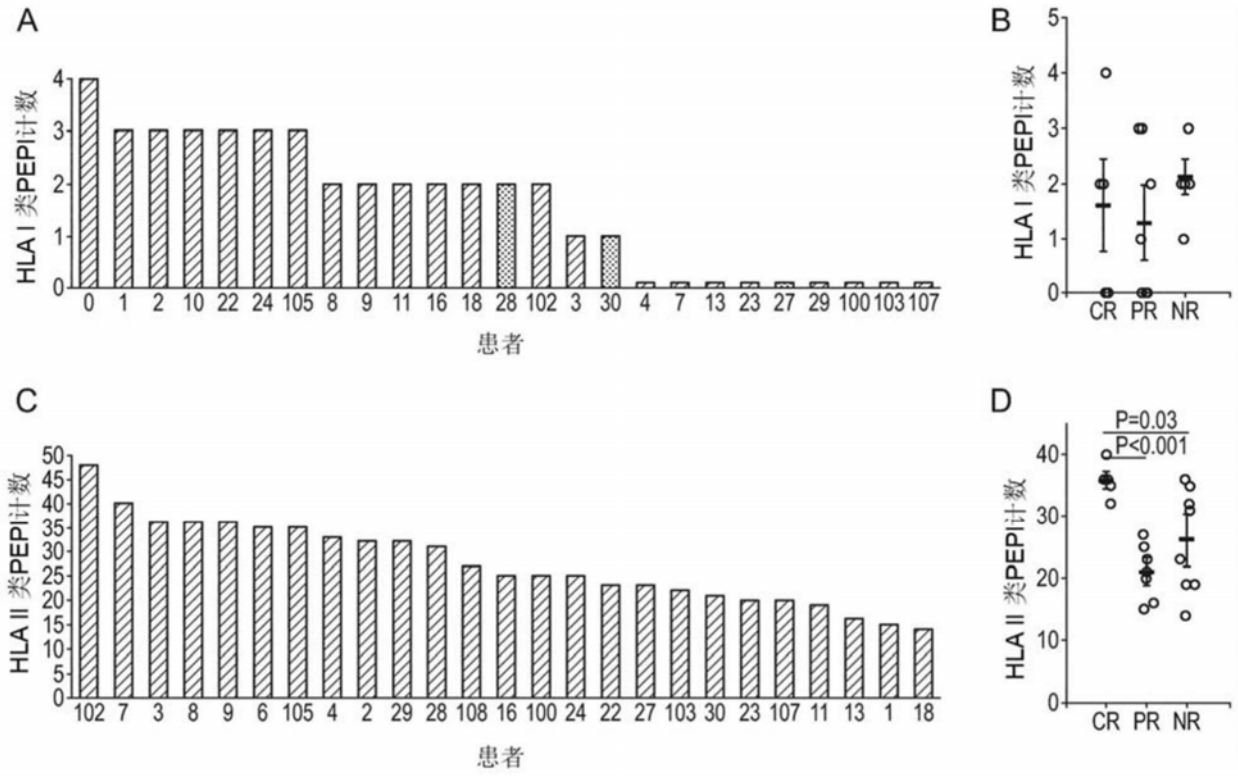

A
HLA I 类PEPI计数
0 1 2 10 22 24 105 8 9 11 16 18 28 102 3 30 4 7 13 23 27 29 100 103 107
患者
B
HLA I 类PEPI计数
CR PR NR
C
HLA II 类PEPI计数
102 7 3 8 9 6 105 4 2 29 28 108 16 100 24 22 27 103 30 23 107 11 13 1 18
患者
D
HLA II 类PEPI计数
P=0.03
P<0.001
CR PR NR

图5

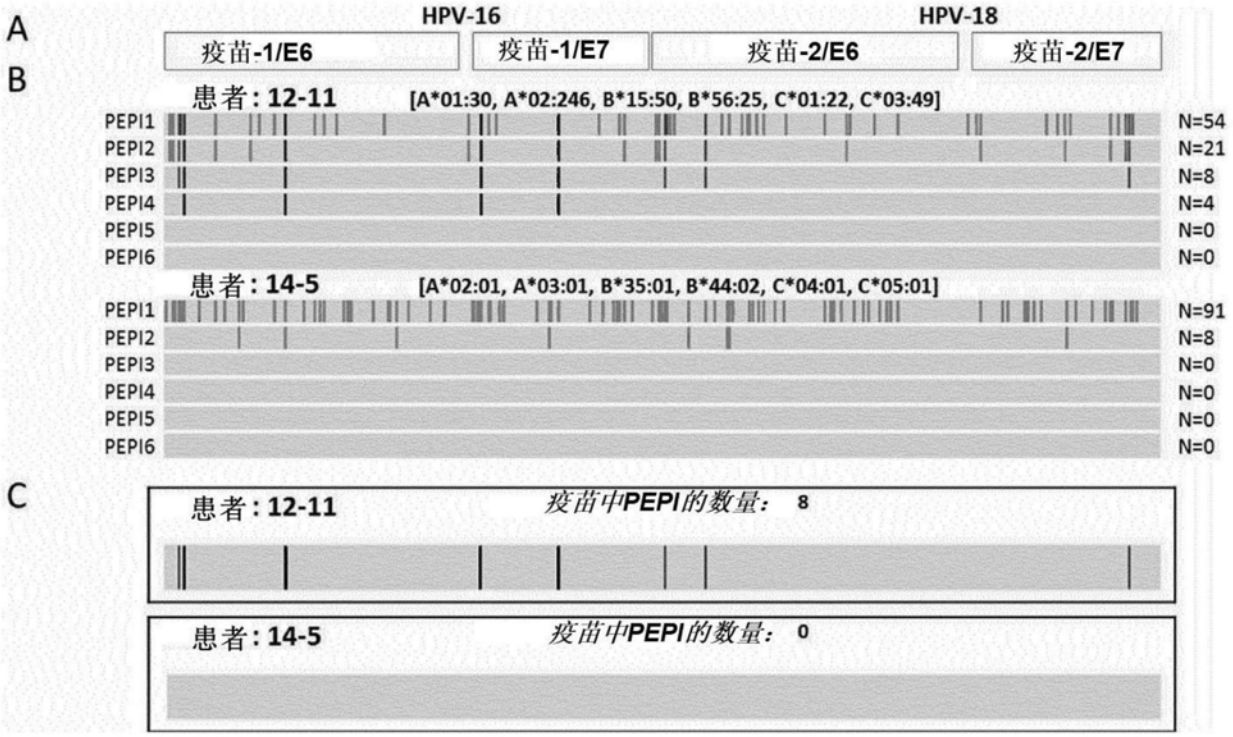

A
HPV-16
HPV-18
疫苗-1/E6
疫苗-1/E7
疫苗-2/E6
疫苗-2/E7
B
患者：12-11
[A*01:30, A*02:246, B*15:50, B*56:25, C*01:22, C*03:49]
PEPI1 N=54
PEPI2 N=21
PEPI3 N=8
PEPI4 N=4
PEPI5 N=0
PEPI6 N=0
患者：14-5
[A*02:01, A*03:01, B*35:01, B*44:02, C*04:01, C*05:01]
PEPI1 N=91
PEPI2 N=8
PEPI3 N=0
PEPI4 N=0
PEPI5 N=0
PEPI6 N=0
C
患者：12-11
疫苗中PEPI的数量： 8
患者：14-5
疫苗中PEPI的数量： 0

图6

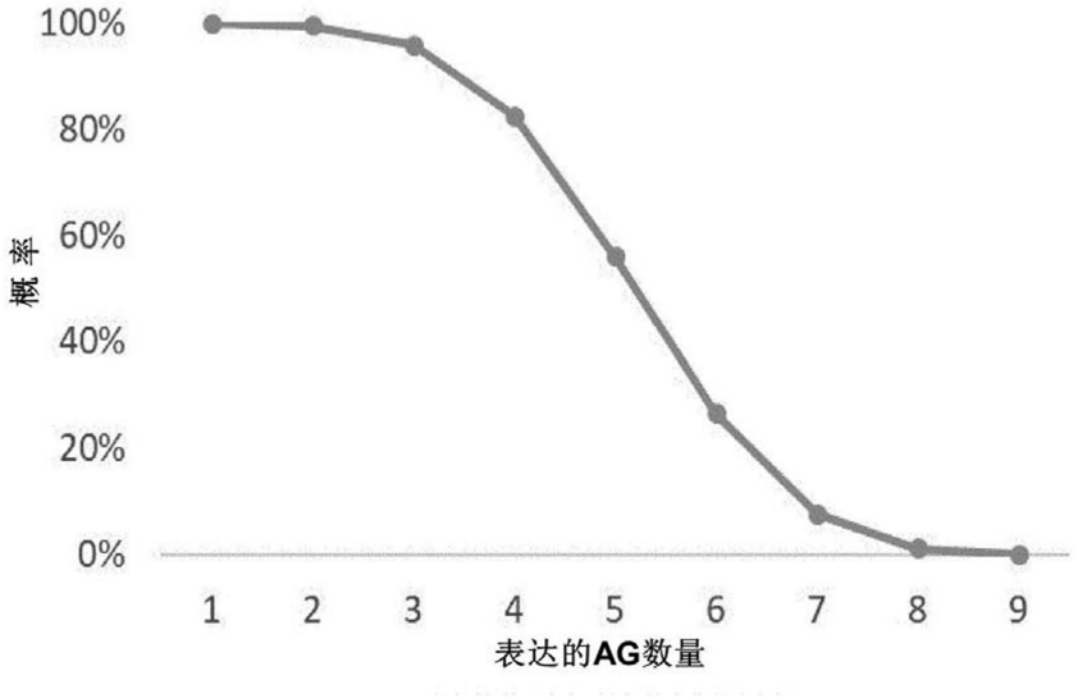

100%
80%
60%
40%
20%
0%
概率
1
2
3
4
5
6
7
8
9
表达的AG数量

图7

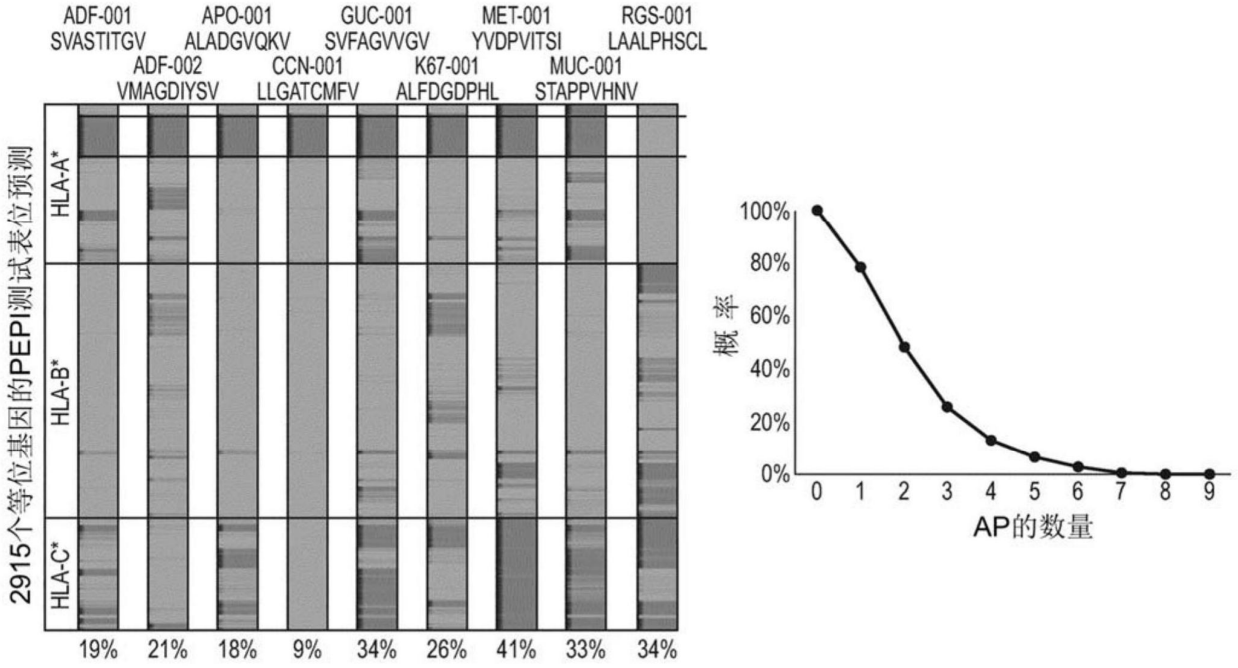

ADF-001
SVASTITGV
APO-001
ALADGVQKV
GUC-001
SVFAGVVGV
MET-001
YVDPVITSI
RGS-001
LAALPHSCL
ADF-002
VMAGDIYSV
CCN-001
LLGATCMFV
K67-001
ALFDGDPHL
MUC-001
STAPPVHNV
2915个等位基因的PEPI测试表位预测
HLA-A*
HLA-B*
HLA-C*
19%
21%
18%
9%
34%
26%
41%
33%
34%
100%
80%
60%
40%
20%
0%
概率
0
1
2
3
4
5
6
7
8
9
AP的数量

图8

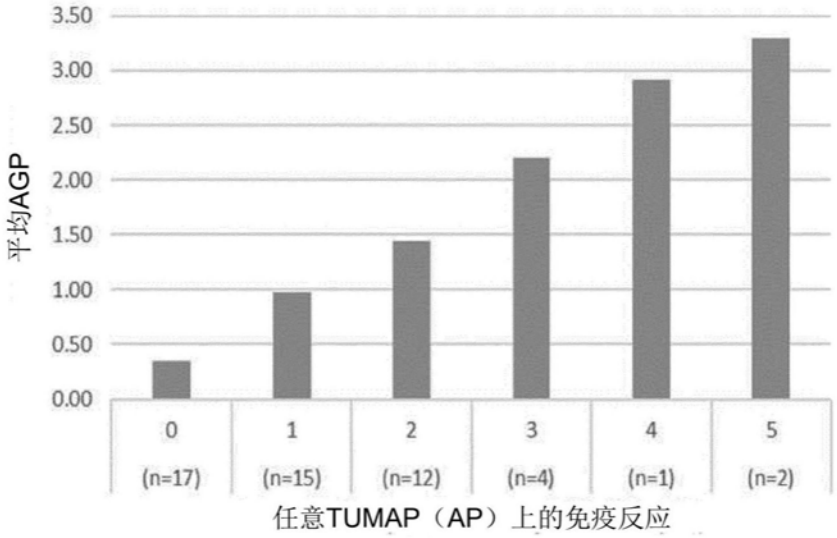

3.50
3.00
2.50
2.00
1.50
1.00
0.50
0.00
平均AGP
0
(n=17)
1
(n=15)
2
(n=12)
3
(n=4)
4
(n=1)
5
(n=2)
任意TUMAP（AP）上的免疫反应

图9

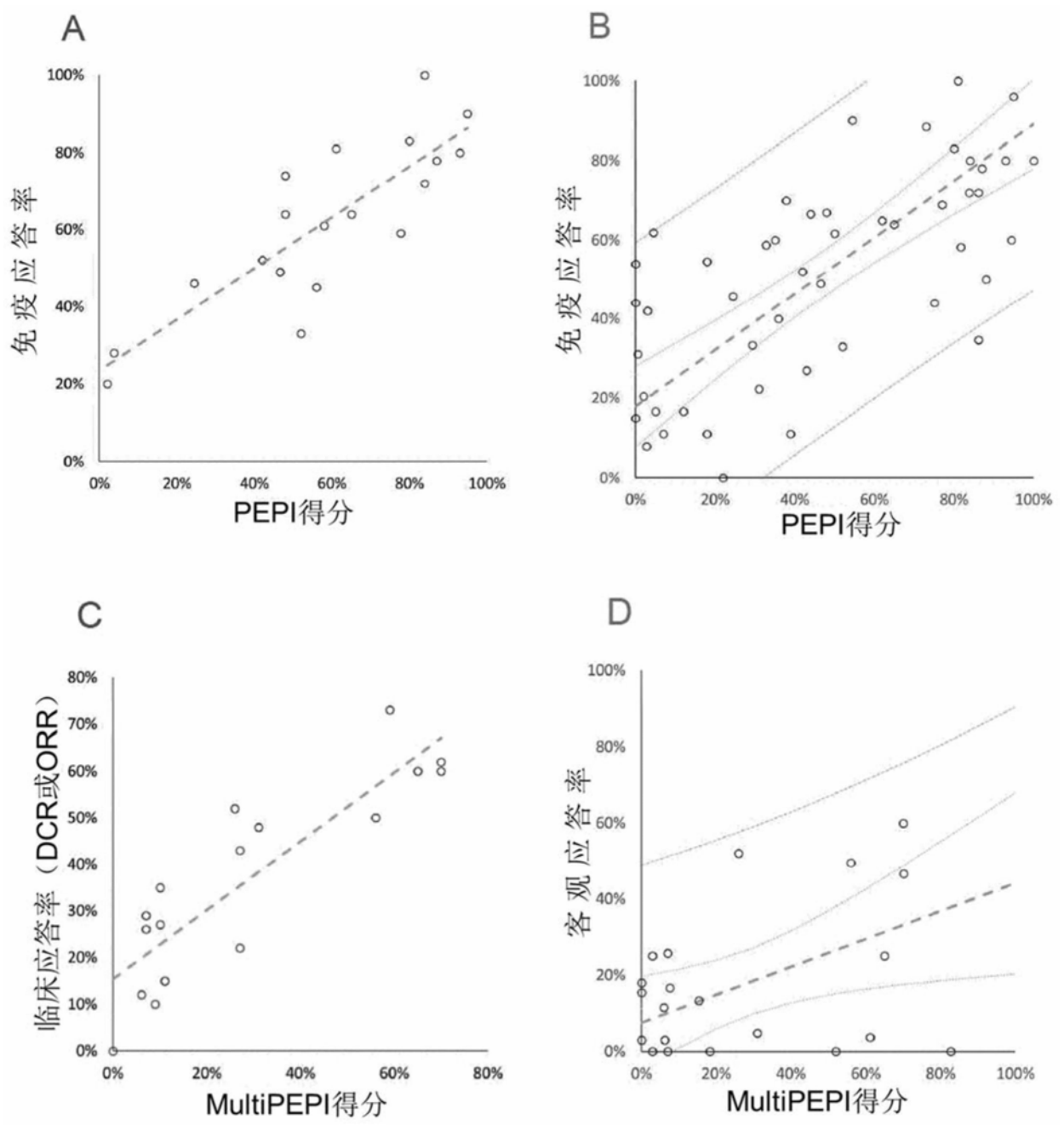

A
100%
80%
60%
40%
20%
0%
免疫应答率
0%
20%
40%
60%
80%
100%
PEPI得分
B
100%
80%
60%
40%
20%
0%
免疫应答率
0%
20%
40%
60%
80%
100%
PEPI得分
C
80%
70%
60%
50%
40%
30%
20%
10%
0%
临床应答率（DCR或ORR）
0%
20%
40%
60%
80%
MultiPEPI得分
D
100%
80%
60%
40%
20%
0%
客观应答率
0%
20%
40%
60%
80%
100%
MultiPEPI得分

图10

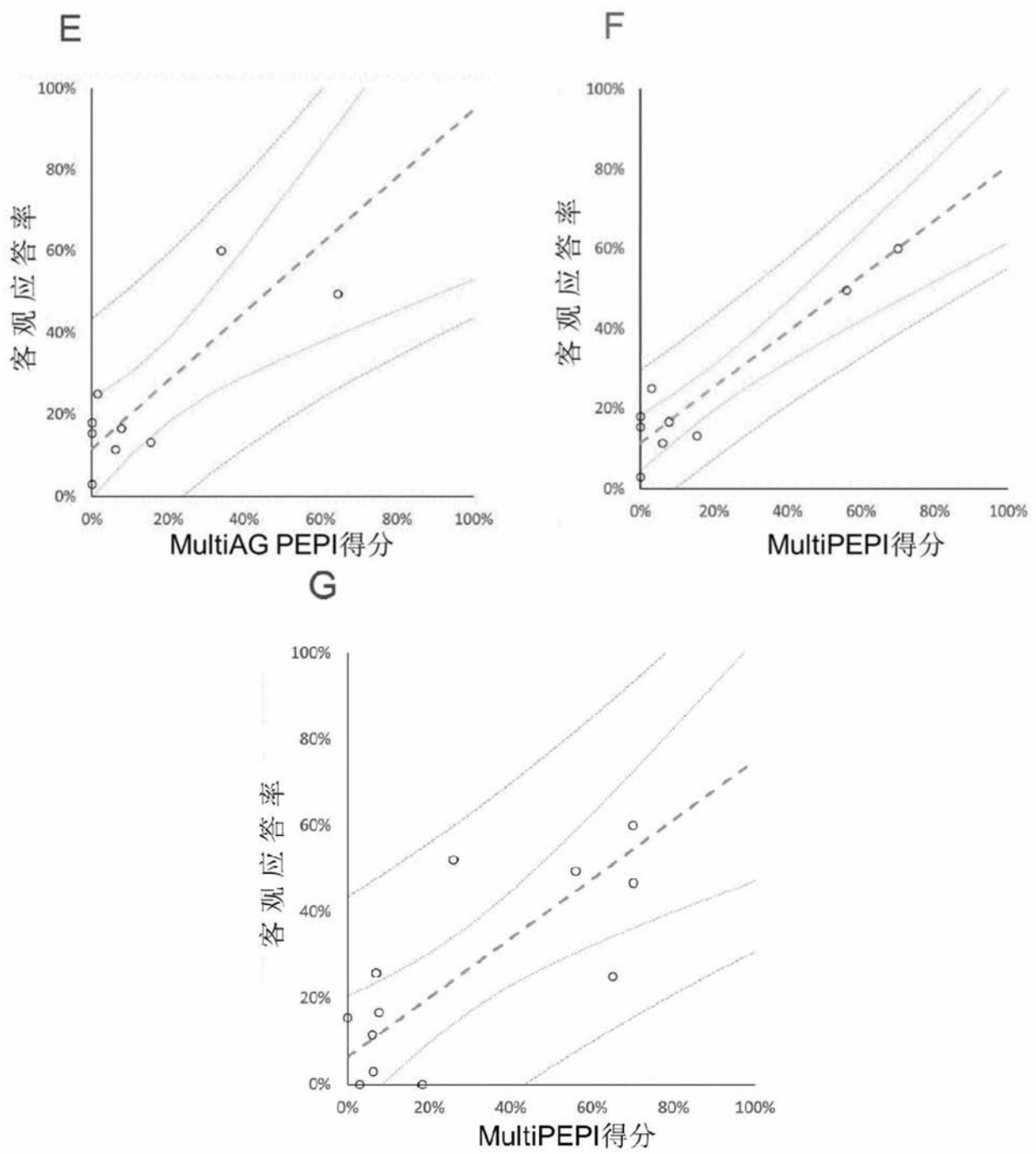

E
100%
80%
60%
40%
20%
0%
客观应答率
0%
20%
40%
60%
80%
100%
MultiAG PEPI得分
F
100%
80%
60%
40%
20%
0%
客观应答率
0%
20%
40%
60%
80%
100%
MultiPEPI得分
G
100%
80%
60%
40%
20%
0%
客观应答率
0%
20%
40%
60%
80%
100%
MultiPEPI得分

图10(续)

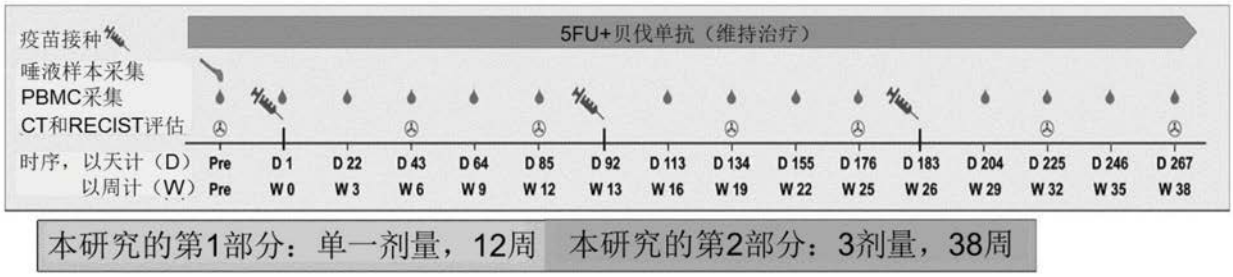
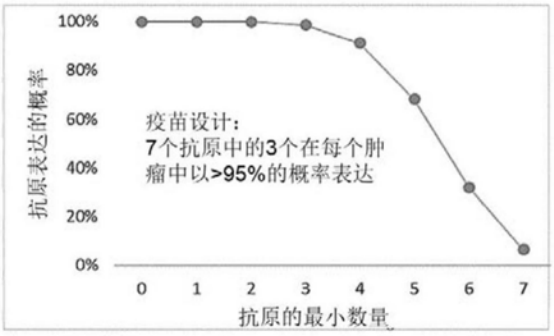
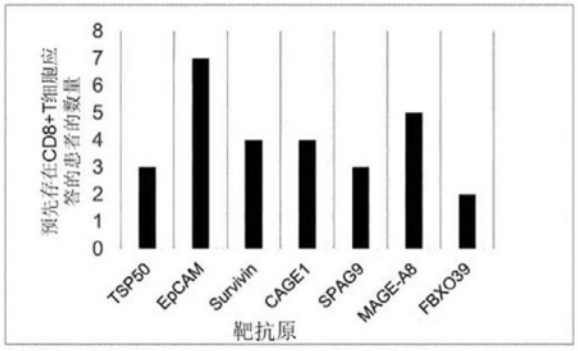


图11

A

被PolyPEPI1018靶向的CRC抗原	表达率（2391个CRC活组织检查）
TSP50	89%
EpCAM	88%
Survivin	87%
CAGE1	74%
SPAG9	74%
MAGE-A8	44%
FBXO39	39%





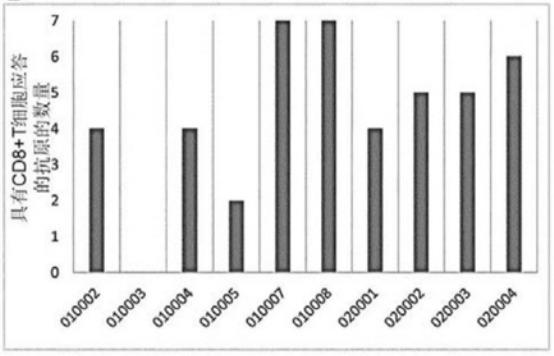


图12

CRC_P3 肽 (30 aa)

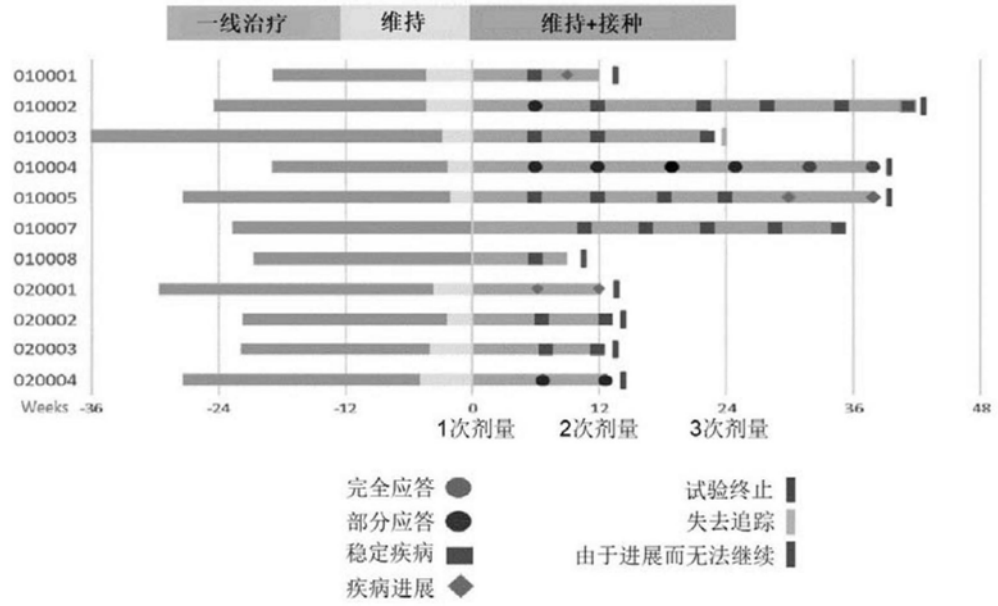
EpCam (15 aa) | MAGE-A8 (15 aa)

YVDEKAPEFSMQGLK DEKVAELVRFLLRKY

PolyPEPI1018疫苗抗原	临床前免疫性		临床免疫性
	模型群体 (n=433)	CRC群体 (n=37)	OBERTO-101 (n=10)
TSP50	53%	62%	70%
EpCAM	69%	41%	90%
Survivin	36%	32%	70%
Cage	68%	81%	50%
SPAG9	28%	3%	40%
FBXO39	90%	100%	60%
MAGE-A8	18%	0%	60%
任意抗原	98%	100%	90%
任意2种抗原	92%	92%	90%
任意3种抗原	72%	65%	80%

*Lorincz et al. Journal of Clinical Oncology 37, 2019 (suppl; abstr e14298).

图13



注：在CAIRO3试验中，PFS1中位数为8.5个月（95% CI 6.5-10.3*）

*CAIRO3试验：Simkens et al. The Lancet 2015

图14A

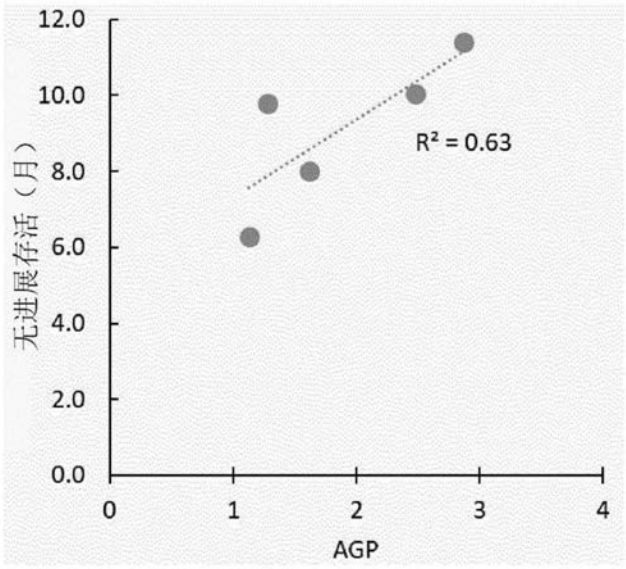

12.0
10.0
8.0
6.0
4.0
2.0
0.0
无进展存活（月）
R² = 0.63
0
1
2
3
4
AGP

图14B

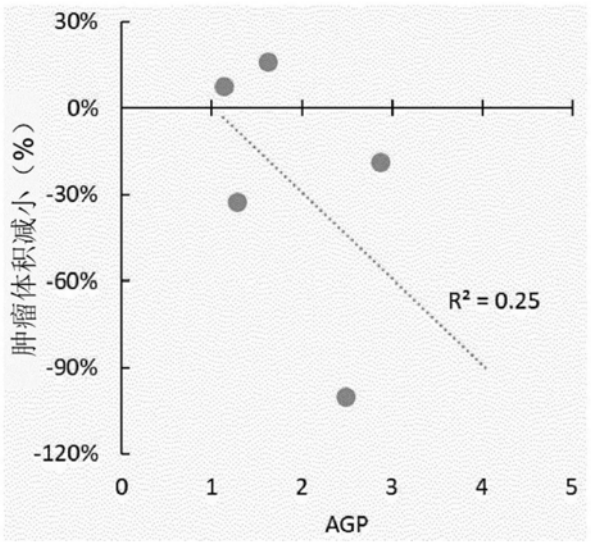

30%
0%
-30%
-60%
-90%
-120%
肿瘤体积减小（%）
R² = 0.25
0
1
2
3
4
5
AGP

图14C

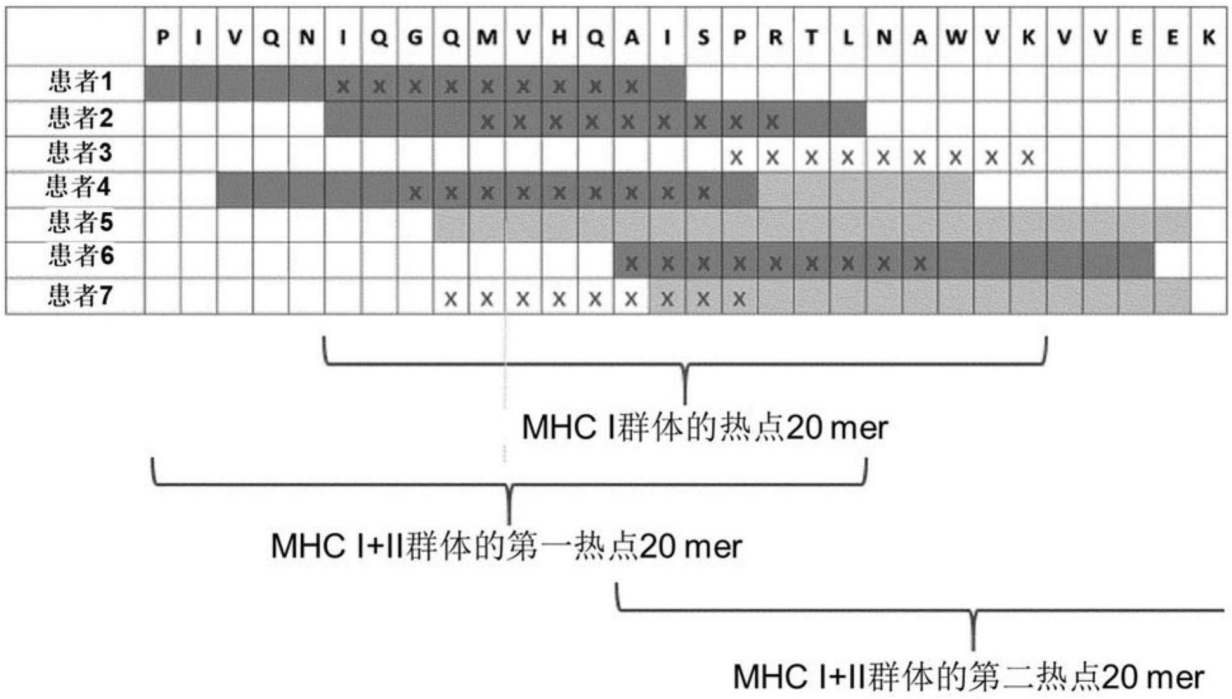

P I V Q N I Q G Q M V H Q A I S P R T L N A W V K V V E E K
患者1
患者2
患者3
患者4
患者5
患者6
患者7
MHC I群体的热点20 mer
MHC I+II群体的第一热点20 mer
MHC I+II群体的第二热点20 mer

图15

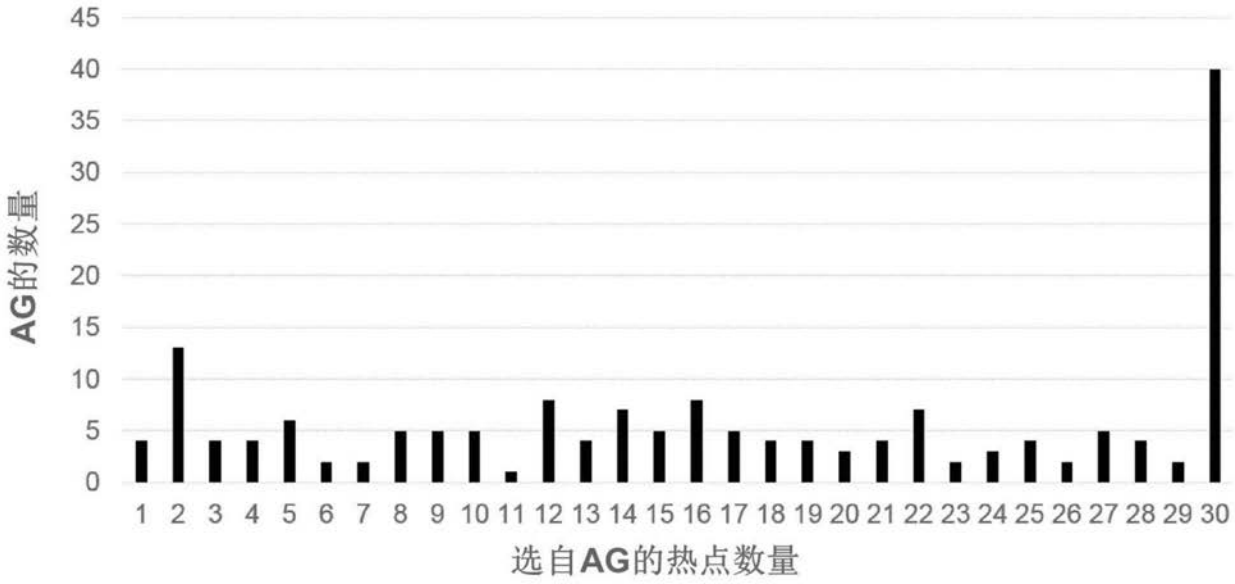

AG的数量
选自AG的热点数量
0 5 10 15 20 25 30 35 40 45
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30

图16

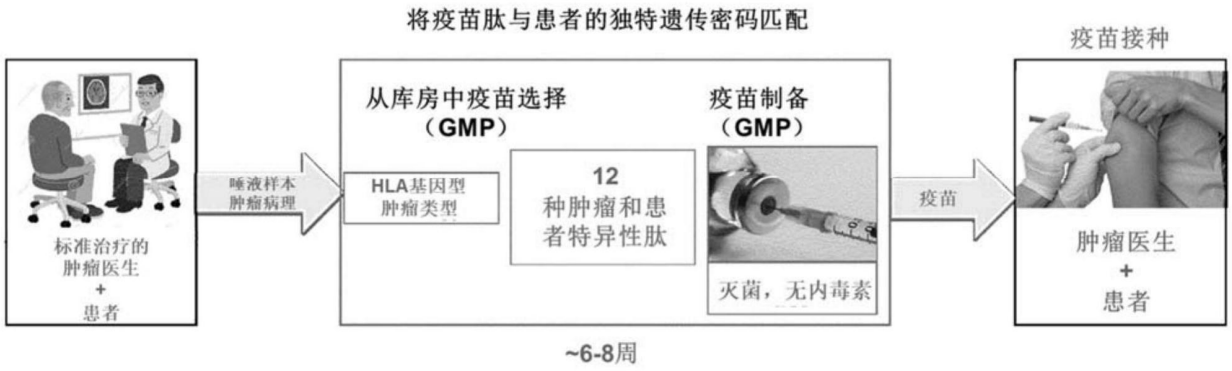

将疫苗肽与患者的独特遗传密码匹配
疫苗接种
从库房中疫苗选择
（GMP）
疫苗制备
（GMP）
唾液样本
肿瘤病理
HLA基因型
肿瘤类型
12
种肿瘤和患者特异性肽
灭菌，无内毒素
疫苗
标准治疗的
肿瘤医生
+
患者
肿瘤医生
+
患者
~6-8周

图17

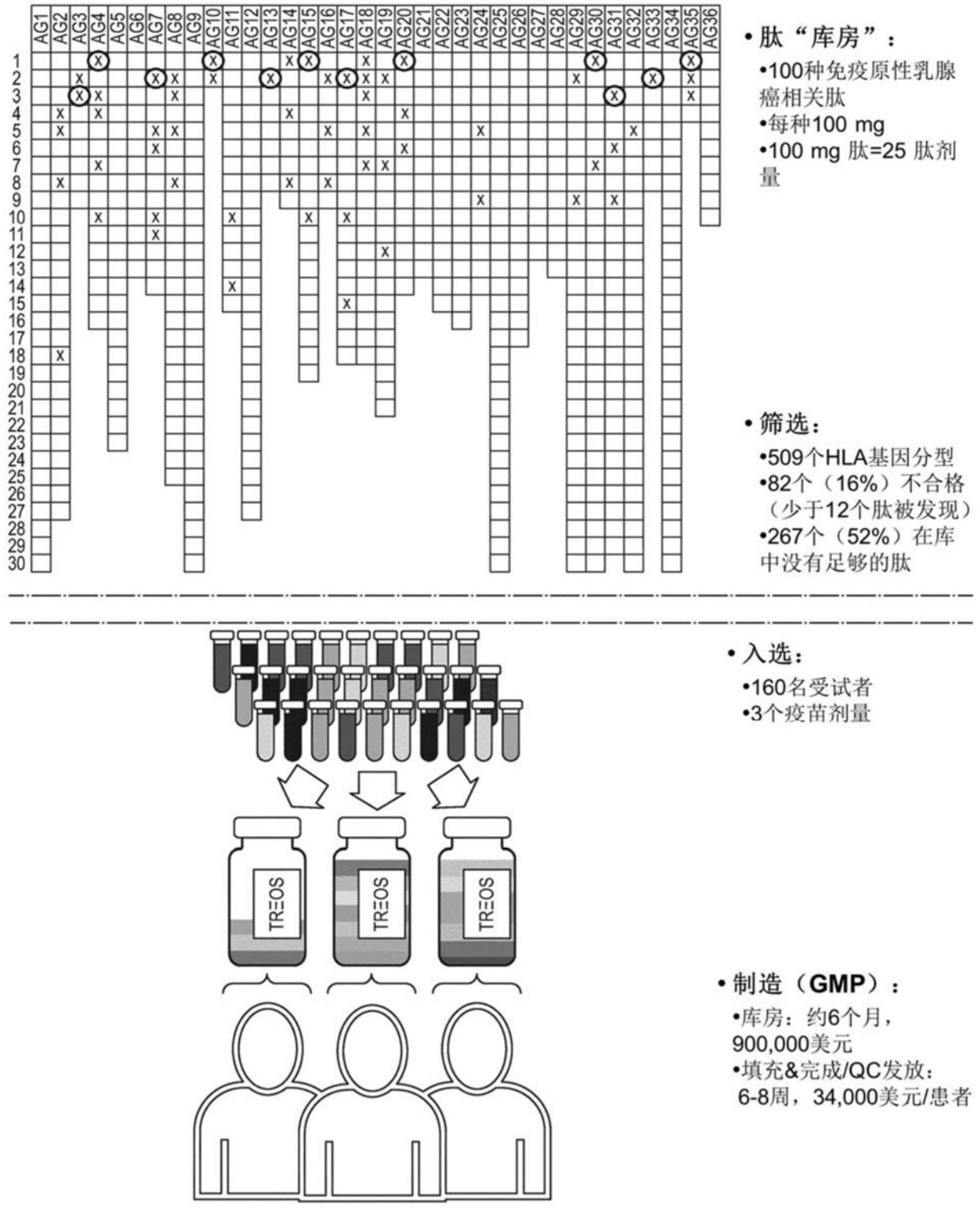

AG1 AG2 AG3 AG4 AG5 AG6 AG7 AG8 AG9 AG10 AG11 AG12 AG13 AG14 AG15 AG16 AG17 AG18 AG19 AG20 AG21 AG22 AG23 AG24 AG25 AG26 AG27 AG28 AG29 AG30 AG31 AG32 AG33 AG34 AG35 AG36
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30
• 肽“库房”：
•100种免疫原性乳腺癌相关肽
•每种100 mg
•100 mg 肽=25 肽剂量
• 筛选：
•509个HLA基因分型
•82个（16%）不合格（少于12个肽被发现）
•267个（52%）在库中没有足够的肽
• 入选：
•160名受试者
•3个疫苗剂量
TRIOS
TRIOS
TRIOS
• 制造（GMP）：
•库房：约6个月，900,000美元
•填充&完成/QC发放：6-8周，34,000美元/患者

图18

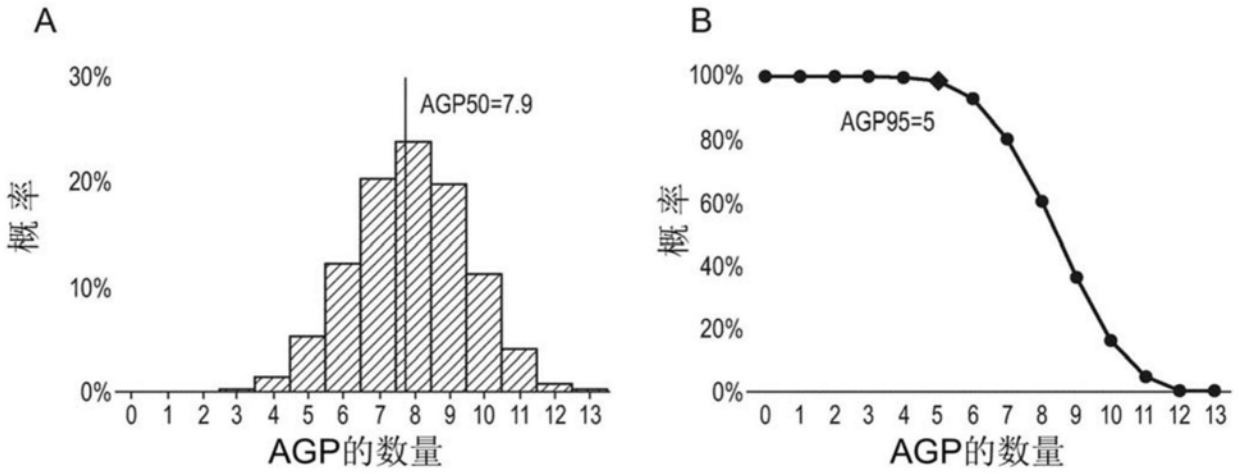

A
30%
20%
10%
0%
概率
AGP50=7.9
0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13
AGP的数量
B
100%
80%
60%
40%
20%
0%
概率
AGP95=5
0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13
AGP的数量

图19

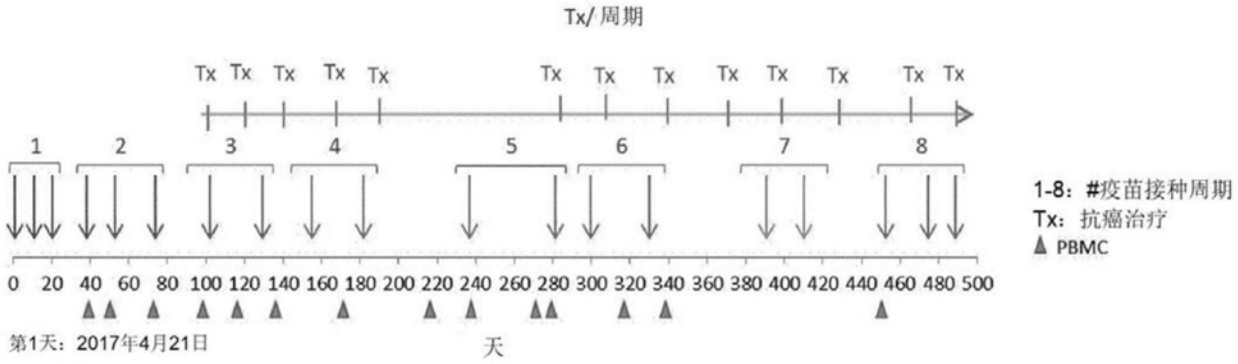

Tx/周期
Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx
1 2 3 4 5 6 7 8
0 20 40 60 80 100 120 140 160 180 200 220 240 260 280 300 320 340 360 380 400 420 440 460 480 500
第1天：2017年4月21日
天
1-8：#疫苗接种周期
Tx：抗癌治疗
PBMC

图20

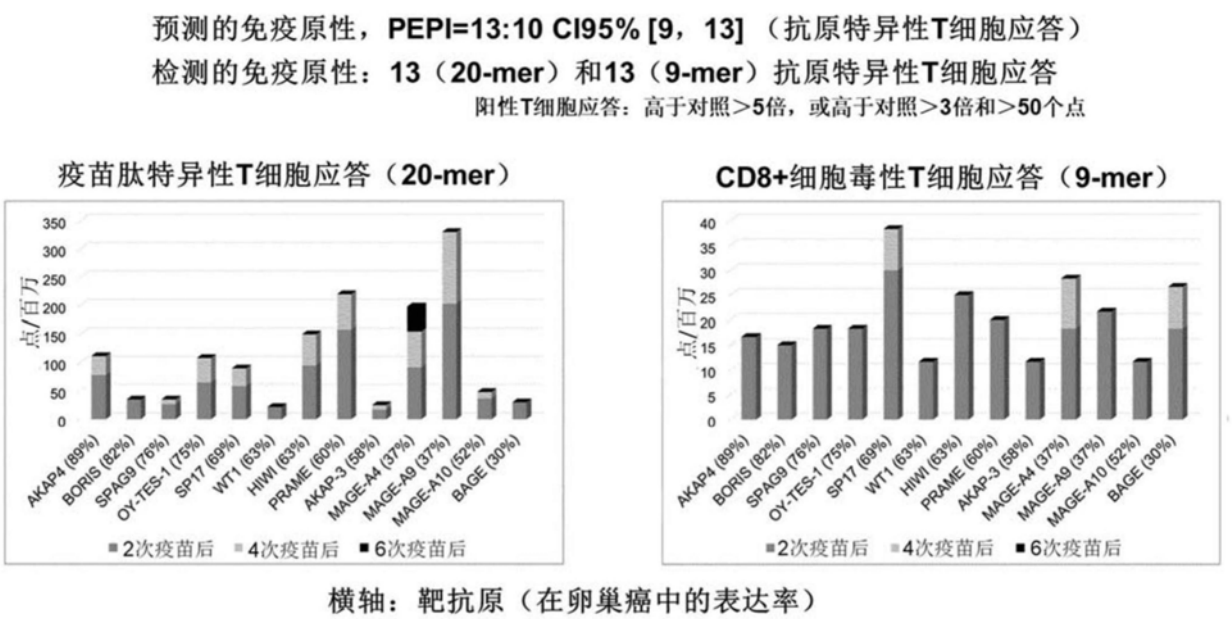

预测的免疫原性，PEPI=13:10 CI95% [9，13]（抗原特异性T细胞应答）
检测的免疫原性：13（20-mer）和13（9-mer）抗原特异性T细胞应答
阳性T细胞应答：高于对照>5倍，或高于对照>3倍和>50个点
疫苗肽特异性T细胞应答（20-mer）
CD8+细胞毒性T细胞应答（9-mer）
点/百万
AKAP4 (89%)
BORIS (82%)
SPAG9 (76%)
OY-TES-1 (75%)
SP17 (69%)
WT1 (63%)
HIWI (63%)
PRAME (60%)
AKAP-3 (58%)
MAGE-A4 (37%)
MAGE-A9 (37%)
MAGE-A10 (52%)
BAGE (30%)
2次疫苗后
4次疫苗后
6次疫苗后
横轴：靶抗原（在卵巢癌中的表达率）

图21

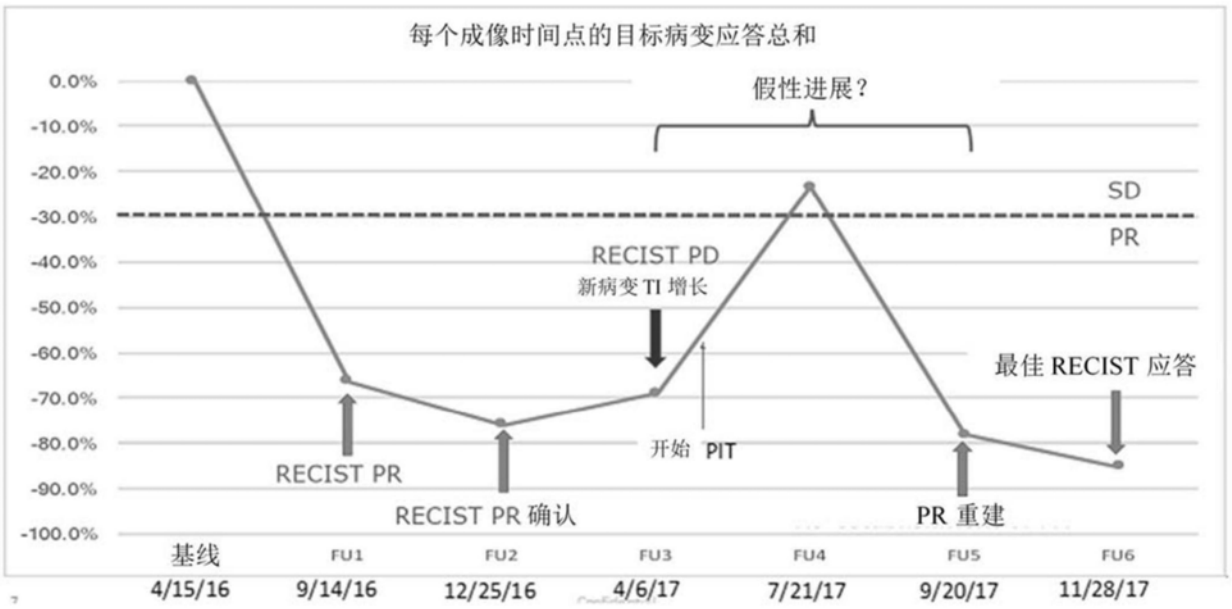

每个成像时间点的目标病变应答总和
假性进展？
SD
PR
RECIST PD
新病变 TI 增长
最佳 RECIST 应答
开始 PIT
RECIST PR
RECIST PR 确认
PR 重建
基线
FU1
FU2
FU3
FU4
FU5
FU6
4/15/16
9/14/16
12/25/16
4/6/17
7/21/17
9/20/17
11/28/17

图22

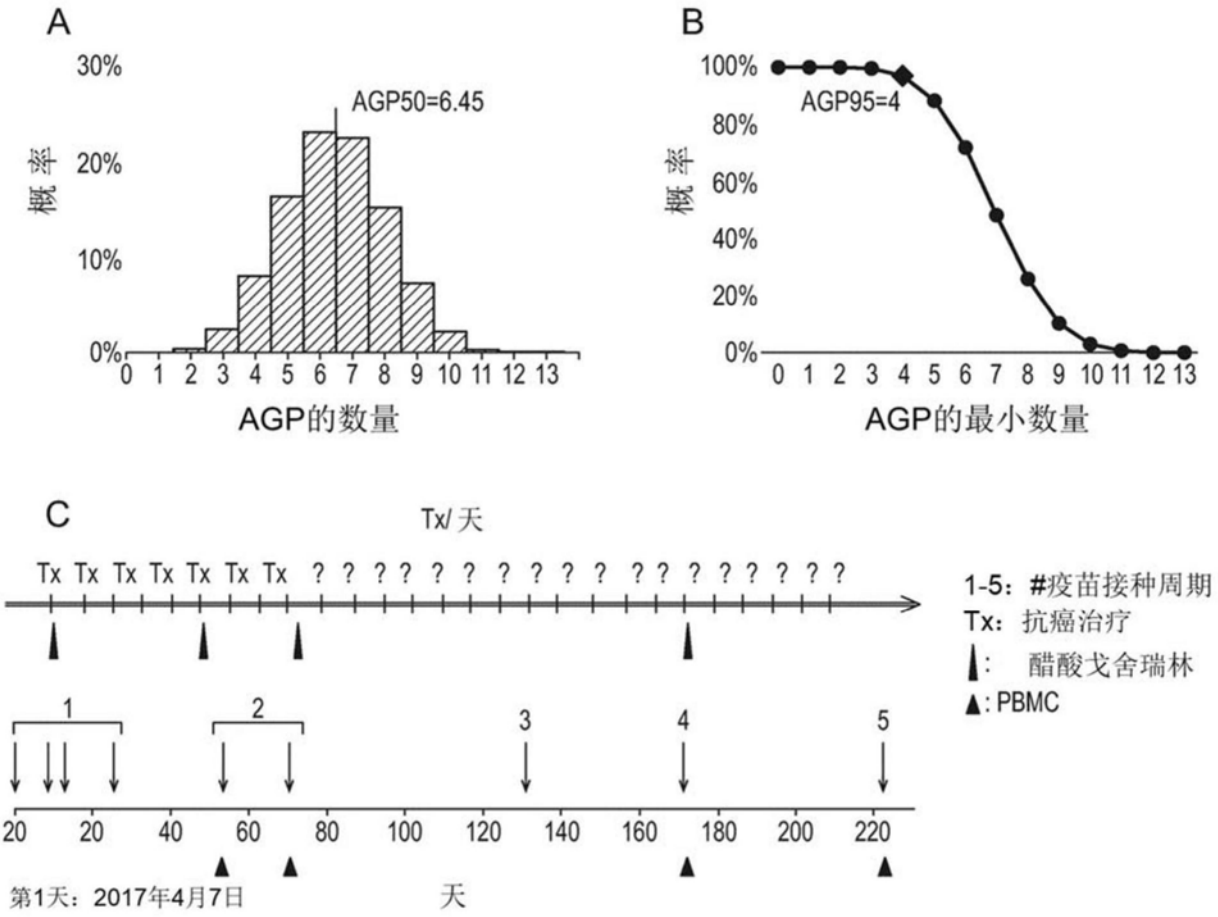

A
30%
20%
10%
0%
概率
AGP50=6.45
0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13
AGP的数量
B
100%
80%
60%
40%
20%
0%
概率
AGP95=4
0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13
AGP的最小数量
C
Tx/天
Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx ? ? ? ? ? ? ? ? ? ? ? ? ? ? ? ? ? ?
1-5：#疫苗接种周期
Tx：抗癌治疗
：醋酸戈舍瑞林
▲: PBMC
1 2 3 4 5
20 20 40 60 80 100 120 140 160 180 200 220
第1天：2017年4月7日
天

图23

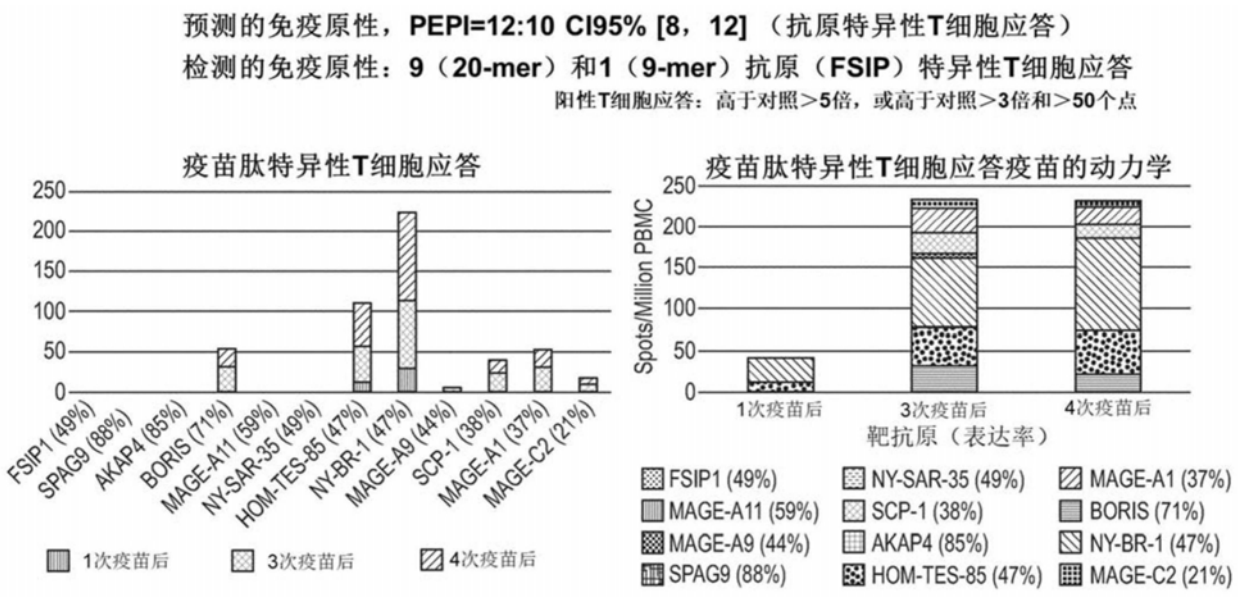

预测的免疫原性，PEPI=12:10 CI95% [8，12]（抗原特异性T细胞应答）
检测的免疫原性：9（20-mer）和1（9-mer）抗原（FSIP）特异性T细胞应答
阳性T细胞应答：高于对照＞5倍，或高于对照＞3倍和＞50个点
疫苗肽特异性T细胞应答
250
200
150
100
50
0
FSIP1 (49%)
SPAG9 (88%)
AKAP4 (85%)
BORIS (71%)
MAGE-A11 (59%)
NY-SAR-35 (49%)
HOM-TES-85 (47%)
NY-BR-1 (47%)
MAGE-A9 (44%)
SCP-1 (38%)
MAGE-A1 (37%)
MAGE-C2 (21%)
1次疫苗后
3次疫苗后
4次疫苗后
疫苗肽特异性T细胞应答疫苗的动力学
Spots/Million PBMC
1次疫苗后
3次疫苗后
4次疫苗后
靶抗原（表达率）
FSIP1 (49%)
NY-SAR-35 (49%)
MAGE-A1 (37%)
MAGE-A11 (59%)
SCP-1 (38%)
BORIS (71%)
MAGE-A9 (44%)
AKAP4 (85%)
NY-BR-1 (47%)
SPAG9 (88%)
HOM-TES-85 (47%)
MAGE-C2 (21%)
横轴：靶抗原（在乳腺癌中的表达率）

图24

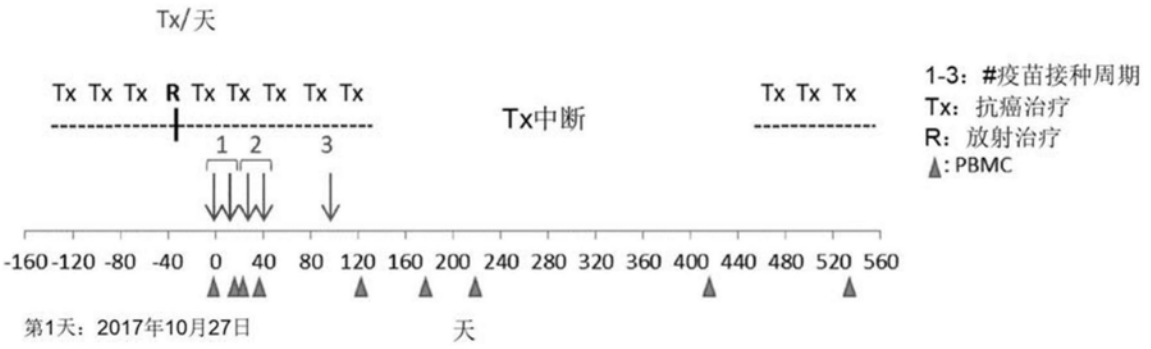

Tx/天
Tx Tx Tx R Tx Tx Tx Tx Tx
Tx中断
Tx Tx Tx
1 2 3
-160 -120 -80 -40 0 40 80 120 160 200 240 280 320 360 400 440 480 520 560
第1天：2017年10月27日
天
1-3：#疫苗接种周期
Tx：抗癌治疗
R：放射治疗
▲: PBMC

图25

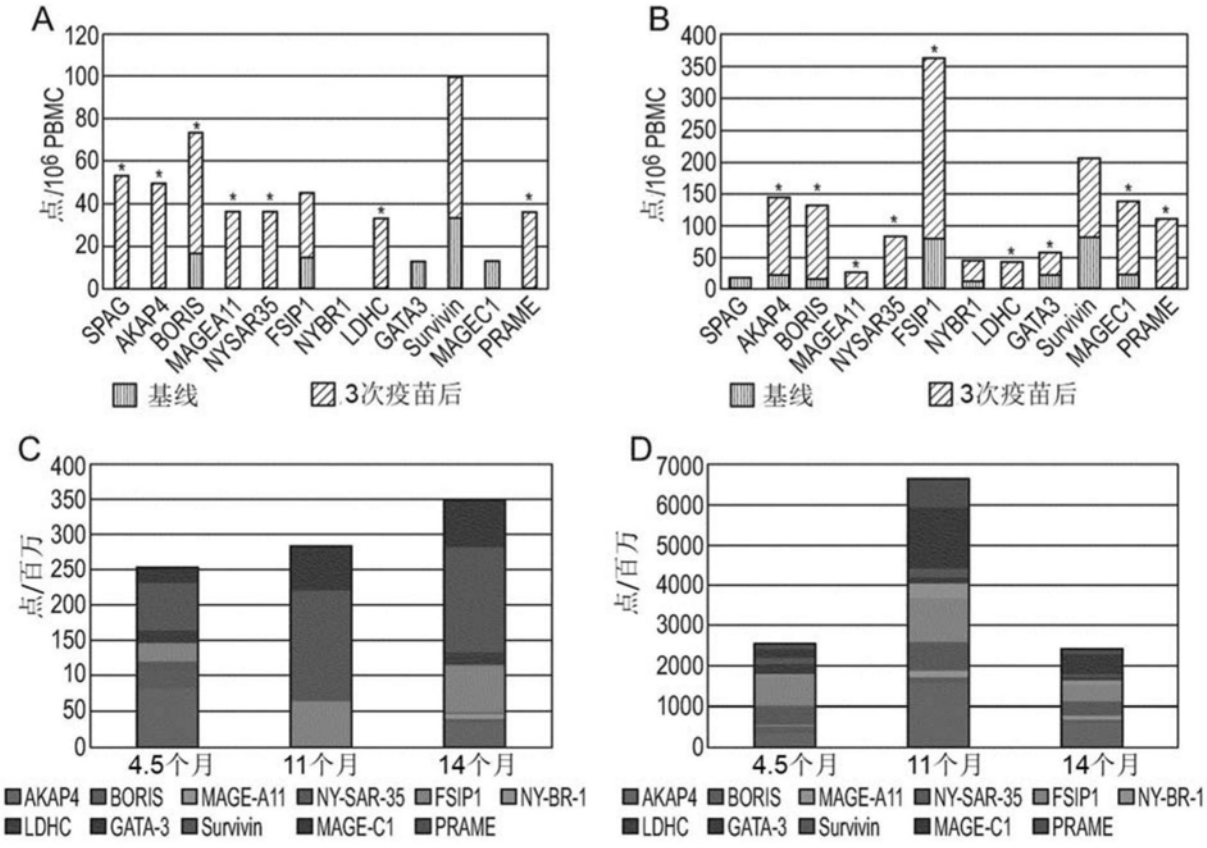

A
点/10⁶ PBMC
SPAG AKAP4 BORIS MAGEA11 NYSAR35 FSIP1 NYBR1 LDHC GATA3 Survivin MAGEC1 PRAME
基线
3次疫苗后
B
点/10⁶ PBMC
SPAG AKAP4 BORIS MAGEA11 NYSAR35 FSIP1 NYBR1 LDHC GATA3 Survivin MAGEC1 PRAME
基线
3次疫苗后
C
点/百万
4.5个月 11个月 14个月
AKAP4 BORIS MAGE-A11 NY-SAR-35 FSIP1 NY-BR-1
LDHC GATA-3 Survivin MAGE-C1 PRAME
D
点/百万
4.5个月 11个月 14个月
AKAP4 BORIS MAGE-A11 NY-SAR-35 FSIP1 NY-BR-1
LDHC GATA-3 Survivin MAGE-C1 PRAME

图26

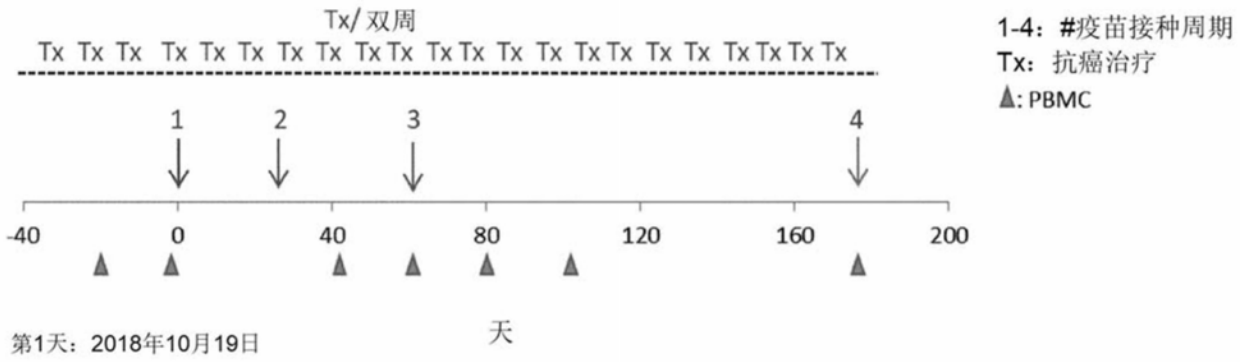

Tx/双周
Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx Tx
1
2
3
4
-40
0
40
80
120
160
200
天
第1天：2018年10月19日
1-4：#疫苗接种周期
Tx：抗癌治疗
▲: PBMC

图27

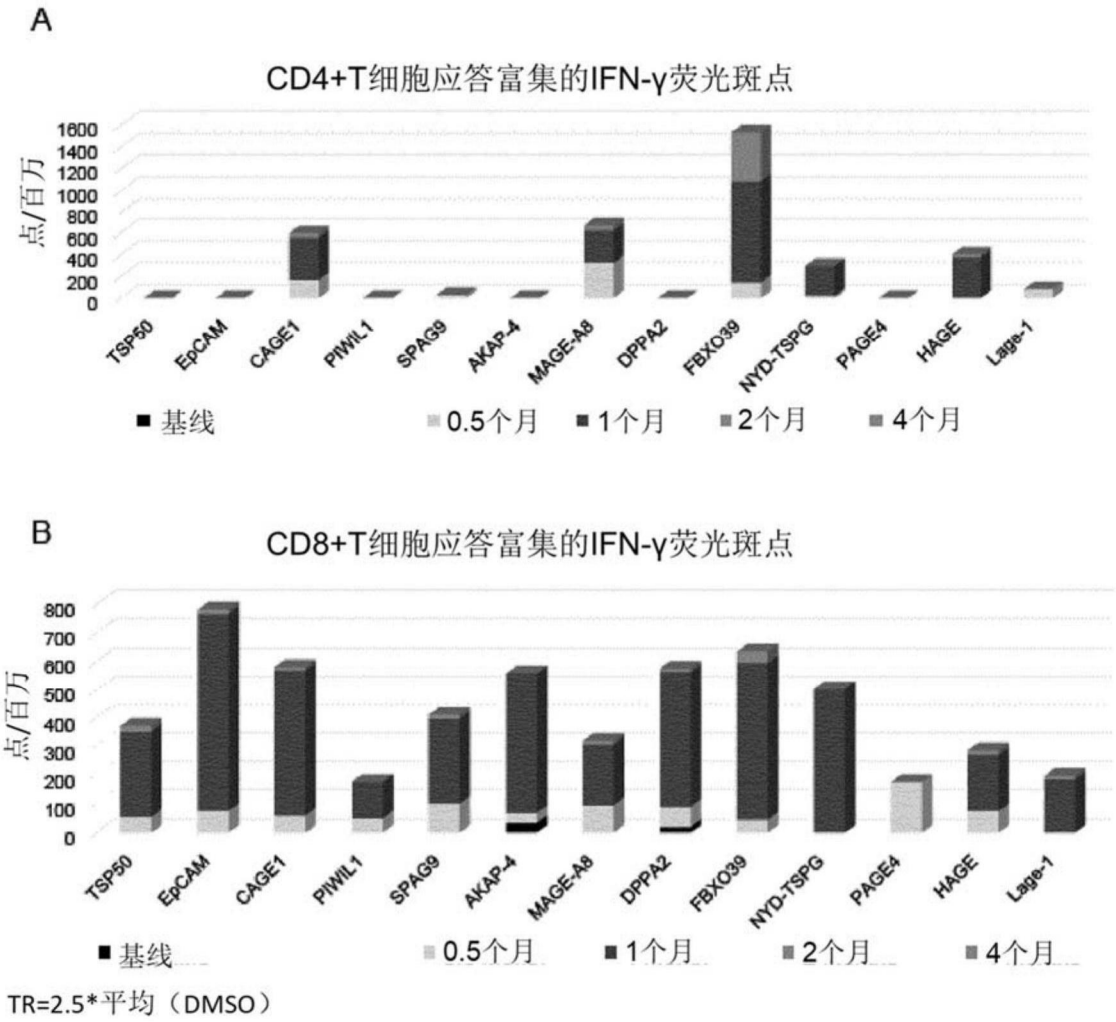

A
CD4+T细胞应答富集的IFN-γ荧光斑点
点/百万
1600
1400
1200
1000
800
600
400
200
0
TSP50
EpCAM
CAGE1
PIWIL1
SPAG9
AKAP-4
MAGE-A8
DPPA2
FBXO39
NYD-TSPG
PAGE4
HAGE
Lage-1
基线
0.5个月
1个月
2个月
4个月
B
CD8+T细胞应答富集的IFN-γ荧光斑点
点/百万
800
700
600
500
400
300
200
100
0
TSP50
EpCAM
CAGE1
PIWIL1
SPAG9
AKAP-4
MAGE-A8
DPPA2
FBXO39
NYD-TSPG
PAGE4
HAGE
Lage-1
基线
0.5个月
1个月
2个月
4个月
TR=2.5*平均（DMSO）

图28