

[19] 中华人民共和国国家知识产权局



[12] 发明专利说明书

专利号 ZL 00815435. X

[51] Int. Cl.

C07K 14/47 (2006.01)

G01N 33/68 (2006.01)

C12N 15/63 (2006.01)

C07K 16/28 (2006.01)

[45] 授权公告日 2006 年 12 月 13 日

[11] 授权公告号 CN 1289525C

[22] 申请日 2000.9.8 [21] 申请号 00815435. X

[30] 优先权

[32] 1999. 9. 10 [33] US [31] 09/393,634

[32] 2000. 2. 22 [33] US [31] 09/510,332

[86] 国际申请 PCT/US2000/024821 2000.9.8

[87] 国际公布 WO2001/018050 英 2001.3.15

[85] 进入国家阶段日期 2002.5.8

[73] 专利权人 加利福尼亚大学董事会

地址 美国加利福尼亚州

共同专利权人 美国政府健康及人类服务部

[72] 发明人 C·S·朱克 J·E·阿德莱尔

N·里巴 K·米勒 M·胡恩

审查员 冯 怡

[74] 专利代理机构 上海专利商标事务所有限公司

代理人 徐 迅

权利要求书 2 页 说明书 238 页 附图 45 页

[54] 发明名称

T2R, 一类味觉受体

[57] 摘要

本发明提供了味觉转导 G-蛋白偶联受体新家族的核酸和氨基酸序列、这些受体的抗体、检测这些核酸和受体的方法, 和筛选味觉转导 G-蛋白偶联受体的调节蛋白的方法。

1.一种鉴定在味觉细胞中调节味觉信号传递的化合物的方法，其特征在于，该方法包括步骤：

(i)使味觉转导 G-蛋白偶联受体多肽与化合物接触，所述多肽具有 SEQ ID NO: 7 的氨基酸序列；和

(ii)确定该化合物对该多肽的功能性作用。

2. 如权利要求 1 所述的方法，其特征在于，所述功能性作用是化学作用。

3. 如权利要求 1 所述的方法，其特征在于，所述功能性作用是物理作用。

4. 如权利要求 1 所述的方法，其特征在于，所述功能性作用是通过测量所述化合物与所述多肽的胞外结构域或跨膜区域的结合确定的。

5. 如权利要求 1 所述的方法，其特征在于，所述功能性作用是通过测量放射性 GTP 与所述多肽的结合决定的。

6. 如权利要求 1 所述的方法，其特征在于，所述多肽是重组的。

7. 如权利要求 1 所述的方法，其特征在于，所述多肽在细胞或细胞膜中表达。

8. 如权利要求 7 所述的方法，其特征在于，所述功能性作用是通过测定表达所述多肽的细胞中电活动的变化确定的。

9. 如权利要求 7 所述的方法，其特征在于，所述功能性作用是通过测量胞内 cAMP、cGMP、IP3 或 Ca^{2+} 的变化确定的。

10. 如权利要求 9 所述的方法，其特征在于，所述胞内 Ca^{2+} 的变化是通过检测细胞中 FURA-2 依赖性荧光的变化确定的。

11. 如权利要求 7 所述的方法，其特征在于，所述细胞是真核细胞。

12. 如权利要求 11 所述的方法，其特征在于，所述细胞是 HEK-293 细胞。

13. 如权利要求 7 所述的方法，其特征在于，所述细胞含有 $\text{G}\alpha_{15}$ 。

14. 如权利要求 9 所述的方法，其特征在于，所述多肽与化合物在苦味物质的存在下接触，在所述化合物存在下，苦味物质对细胞的功能性作用的变化和在所述化合物不存在下，苦味物质对细胞的功能性作用的变化表明所述化合物能调节味觉细胞中的味觉信号传递。

15. 如权利要求 1 所述的方法，其特征在于，所述多肽与固相连接。

16. 如权利要求 15 所述的方法，其特征在于，所述多肽与固相共价连接。

17.一种编码味觉转导 G-蛋白偶联受体的分离的核酸，其特征在于，该受体具有 SEQ ID NO: 7 的氨基酸序列。

18.如权利要求 17 所述的核酸，其特征在于，所述核酸具有 SEQ ID NO: 8 的核苷酸序列。

19.一种表达盒，其特征在于，该表达盒含有权利要求 17 所述的核酸。

20.如权利要求 19 所述的表达盒，其特征在于，所述核酸与异源启动子可操纵性连接。

21.一种含有权利要求 19 所述的表达盒的分离的细胞。

22.如权利要求 21 所述的细胞，其特征在于，该细胞是真核细胞。

23.一种分离的味觉转导 G-蛋白偶联受体，其特征在于，该受体具有 SEQ ID NO: 7 的氨基酸序列。

24. 权利要求 23 所述的受体的用途，其特征在于，用该受体与异源多肽共价连接，形成嵌合多肽。

25. 权利要求 23 所述的受体的用途，其特征在于，用于制备与权利要求 23 的受体选择性结合的抗体。

T2R, 一类味觉受体

相关申请的交叉引用

本申请要求 1999 年 9 月 10 日提交的 USSN 09/393, 634 的优先权, 引入本文供参考。

关于联邦政府资助的研究和开发的声明

本发明得到政府资助进行, 基金号 5R01DC03160, 由国立卫生研究院授予。故政府对本发明有一定权利。

发明领域

本发明提供了味觉细胞特异性 G-蛋白偶联受体的分离的核酸和氨基酸序列, 这些受体的抗体, 检测这些核酸和受体的方法, 和筛选味觉细胞特异性 G-蛋白偶联受体的调节剂的方法。

发明背景

味觉转导是动物化学转导的最复杂形式之一(见例如, Margolskee, *BioEssays* 15: 645-650(1993); Avenet&Lindemann, *J. Membrane Biol.* 112: 1-8(1989))。整个动物界, 从简单的多细胞动物到最复杂的脊椎动物都发现了味觉信号传递; 其主要目的是提供对不挥发配体的可靠信号传递反应。这些感觉的每一种是由受体或通道介导的独特信号传导途径所介导的, 导致受体细胞去极化, 产生受体或动作电位, 并在味觉传入神经元突触处释放神经递质(见例如, Roper, *Ann. Rev. Neurosci.* 12: 329-353(1989))。

据信哺乳动物具有 5 种基本的味觉: 甜、苦、酸、咸和鲜(谷氨酸钠的味道)(见例如, Kawamura&Kare, 鲜味的介绍: 一种基本味觉(1987); Kinnamon & Cummings, *Ann. Rev. Physiol.* 54: 715-731(1992); Lindemann, *Physiol. Rev.* 76: 718-766(1996); Steward 等, *Am. J. Physiol.* 272: 1-26(1997))。对人的广泛精神生理学研究已报道, 舌头的不同区域显示不同的味偏好(见例如, Hoffmann,

Menchen. Arch. Path. Anat. Physiol. 62:516-530(1875);Bradley 等, Anatomical Record 212:246-249(1985); Miley & Reedy, *Physiol Behav.* 47: 1213-1219(1990)). 对动物的许多生理学研究也已显示了味觉受体细胞可选择性的对不同的味道作出反应(见例如 Akabas 等, Science 242:1047-1050(1988);Gilbertson 等, J. Gen. Physiol. 100: 803-24(1992); Bernhardt 等, J. Physiol. 490: 325-336(1996); Cummings 等, J. Neurophysiol. 75: 1256-1263(1996))。

在哺乳动物中, 味觉受体细胞集中于分布在舌上皮不同乳头中的味蕾中。舌最后部发现的周缘乳头含有成百(小鼠)上千(人)个味蕾, 而且对苦味物质特别敏感。叶状乳头(位于舌后侧两边缘)含有几十到几百个味蕾, 对酸和苦味物质特别敏感。含有一个或几个味蕾的蕈状乳头位于舌前部, 据认为介导大部分甜味感觉。

每个味蕾视物种的不同, 含有 50-150 个细胞, 包括前体细胞、支持细胞和味觉受体细胞(见例如 Lindermann, *Physiol. Rev.* 76: 718-766(1996))。受体细胞受其基底处传入神经末梢支配, 这些神经末梢通过脑干和丘脑的突触将信息传递给大脑皮质的味觉中枢。阐明味觉细胞信号传导和信息处理的机制, 对于味觉功能的理解、调节和“感受”是关键的。

虽然对于味觉细胞功能的精神生理学和生理学已有了不少了解, 但对于介导这些感觉信号传递反应的分子和途径所知很少(Gilbertson 综述, *Current Opin. Neurobiol.* 3: 532-539(1993))。电生理学研究提出, 酸味和咸味由 H^+ 和 Na^+ 离子通过细胞尖端表面的特殊膜通道直接进入细胞来调节味觉细胞功能。就酸性化合物而言, 假定 H^+ 封闭了 K^+ 通道(见例如, Kinnamon 等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85:7023-7027(1988))或 pH 敏感性通道的活化(见例如, Gilbertson 等, J. Gen. Physiol. 100: 803-24(1992))导致味觉细胞去极化; 盐转导可能是由 Na^+ 通过阿米洛利敏感性 Na^+ 通道进入而部分介导的(见例如 Heck 等, Science, 223: 403-405(1984); Brand 等, *Brain Res.* 207-214(1985); Avenet 等, *Nature* 331: 351-354(1988))。

据信甜、苦和鲜味觉转导是由 G-蛋白偶联受体(GPCR)信号传递途径介导的(见例如, Striem 等, *Biochem. J.* 260: 121-126(1989); Chaudhari 等, *J. Neuros.* 16: 3817-3826(1996); Wong 等, *Nature* 381: 796-800(1996))。令人不解的是, 甜味和苦味转导的信号传递途径模型和 GPCR 级连反应的效应物酶(如 G 蛋白亚基、cGMP 磷酸二酯酶、磷脂酶 C、腺苷酸环化酶; 见例如, Kinnamon & Margolskee, *Curr. Opin. Neurobiol.* 6: 506-513(1996))几乎一样多。然而, 对于参与味觉传

导的特异性膜受体,或许多受单种味觉转导途径活化的单种胞内信号传递分子知之甚少。鉴定这些分子对苦味拮抗剂、甜味促效剂和咸与酸味调节剂在许多制药工业和食品工业中的应用是重要的。

已被鉴定出的一种味觉细胞特异性 G 蛋白称为 Gustducin(McLaughin 等, *Nature* 357:563-569(1992))。该蛋白被认为与某些苦味和甜味的检测有关,因为 gustducin 敲除的小鼠显示对某些甜味和苦味物(tastant)敏感性降低(Wong 等, *Nature*, 381:796-800(1996)),而且由于 gustducin 在所有类型的味觉乳头中一组重要的细胞亚组中表达(McLaughin 等, *Nature* 357: 563-569(1992))。另外, gustducin 可在体外通过用苦味化合物刺激味觉膜,相似的通过激活苦味受体来激活(Ming 等, *PNAS* 95:8933-8938(1998))。

近来,鉴定出了两种新 GPCR,并发现它们在味觉细胞中特异性表达。虽然这些受体蛋白(称为 TR1 和 TR2)似乎直接与味觉感受有关(Hoon 等, *Cell* 96:541-551(1999)),它们仅在哺乳动物味觉受体细胞的一部分中表达。例如,两种基因都不在表达 Gustducin 的细胞中广泛表达。因此,清楚的是仍需要发现其它与味觉有关的 GPCR。

哺乳动物中的基因研究鉴定出了许多与味觉检测有关的基因座。例如,精神生理学尝味研究已显示人可以分成苦味物质 PROP(6-n-丙基硫脲嘧啶)的品尝者、非品尝者和超品尝者,尝出 PROP 的味道可由显性等位基因赋予,而非品尝者具有两个隐性等位基因,品尝者具有至少一个显性等位基因(见 Bartoshuk 等, *Physiol Behav* 56(6): 1165-71; 58:203-204(1994))。近来,对 PROP 品尝相关的一个基因座已被定位于 5p15(Reed 等, *Am. J. Hum. Genet.* 64(5):1478-80(1999))。然而尚未见存在于 5p15 座位的 PROP 尝味基因的描述。

另外,已在小鼠中绘出了许多与味觉有关的基因。例如,已在小鼠第 6 号染色体的一个区域中绘出了与苦味检测有关的一簇基因(Lush 等, *Genet Res.* 66:167-174(1995))。

新味觉受体和味觉信号传递分子的鉴定和分离,将获得对味觉转导途径作药理学和遗传学调节的方法。例如,受体和通道分子的获得将允许我们筛选高亲和力的促效剂、拮抗剂、反向促效剂和味觉细胞活性的调节剂。可将这些味觉调节化合物用于制药工业和食品工业,来按需要改变味道。另外,这些味觉细胞特异性分子在产生味觉局部解剖图上起着无价工具的作用,以阐明舌的味觉细胞和连接大脑味觉中枢的味觉神经元之间的关系。

发明简述

本发明提供了编码味觉细胞特异性 G-蛋白偶联受体的新核酸。这些核酸及其编码的多肽称为 G-蛋白偶联味觉受体的“T2R”家族。这些受体还称为 G-蛋白偶联味觉受体的“SF”家族。该 GPCR 新家族包括味觉转导途径的成分。特别是，该家族的成员与检测苦味有关。

一方面，本发明提供了一种调节味觉细胞中味觉信号传递的化合物的鉴定方法，该方法包括步骤如下：(i)使该化合物和味觉转导 G-蛋白偶联受体多肽接触，该多肽含有与选自 SEQ ID NO: 166、SEQ ID NO: 167、SEQ ID NO: 168、SEQ ID NO: 169、SEQ ID NO: 170 和或 SEQ ID NO: 171 的序列至少约 50%以上相同的氨基酸序列；和(ii)确定该化合物对多肽的功能作用。

另一方面，本发明提供了一种调节味觉细胞中味觉信号传递的化合物的鉴定方法，该方法包括步骤：(i)使该化合物和味觉转导 G-蛋白偶联受体多肽接触，该多肽与以下序列具有约 60%以上相同的氨基酸序列，序列选自：SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75、SEQ ID NO: 76、SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ

ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162、SEQ ID NO: 164; 和(ii)确定该化合物对多肽的功能作用。

另一方面, 本发明提供了一种调节味觉细胞中味觉信号传递的化合物的鉴定方法, 该方法包括步骤: (i)使含有味觉转导 G-蛋白偶联受体的胞外功能域或跨膜区域、或其片段的多肽与该化合物接触, 胞外功能域或跨膜区域与下列多肽的胞外功能域或跨膜区域具有大于 60%的氨基酸序列相同性, 所述多肽选自: SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75、SEQ ID NO: 76、SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162、SEQ ID NO: 164; 和(ii)确定该化合物对胞外功能域或跨膜区域的功能作用。

在一个实施例中, 该多肽具有 G-蛋白偶联受体活性。在另一个实施例中, 该功能作用是化学作用。在另一个实施例中, 通过测量化合物与多肽的胞外功能域的结合确定功能作用。在另一个实施例中, 通过测量与多肽结合的放射性 GTP 确定功能作用。在另一个实施例中, 该多肽含有与异源多肽共价连接, 形成嵌合多肽的胞

外功能域或跨膜区域、或胞外功能域和跨膜区域的组合。在另一个实施例中，该胞外功能域与固相共价或非共价连接。在另一个实施例中，该多肽来自大鼠、小鼠或人类。

在另一个实施例中，该多肽在细胞或细胞膜中表达。在另一个实施例中，该细胞是真核细胞。在另一个实施例中，通过测定表达该多肽的细胞的电活动确定化合物对多肽的功能作用。在另一个实施例中，通过测量表达该多肽的细胞中胞内 cAMP、cGMP、IP3 或 Ca^{2+} 的变化确定化合物对多肽的功能作用。在另一个实施例中，检测细胞中的 FURA-2 依赖性荧光检测了细胞中胞内 Ca^{2+} 的变化。在另一个实施例中，细胞是真核细胞。在另一个实施例中，细胞是 HEK-293 细胞。在另一个实施例中，多肽是含有视紫红质蛋白 N-末端至少约 20 个连续氨基酸的融合蛋白。在另一个实施例中，该视紫红质蛋白是牛视紫红质蛋白。在另一个实施例中，细胞含有 $\text{G}\alpha 15$ 。在另一个实施例中，多肽在细胞中表达，多肽在苦味物的存在下与化合物接触，其中化合物存在下苦味物对细胞的功能作用差异和化合物不存在下苦味物对细胞的功能作用差异表明，该化合物能调节味觉细胞中的味觉传递。

在另一个实施例中，多肽具有选自下列序列的氨基酸序列，这些多肽是：SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75、SEQ ID NO: 76、SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO:

133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162、SEQ ID NO: 164。

在另一个方面，本发明提供了编码味觉转导 G-蛋白受体的分离的核酸，该受体与选自 SEQ ID NO:166、SEQ ID NO:167、SEQ ID NO:168、SEQ ID NO:169、SEQ ID NO:170 和 SEQ ID NO:171 的序列具有大于约 50%的氨基酸序列相同性。

在另一个方面，本发明提供了编码味觉转导 G-蛋白偶联受体的分离的核酸，其中用引物扩增了核酸，这些引物是简并引物，该核酸与编码选自 SEQ ID NO:166、SEQ ID NO:167、SEQ ID NO:168、SEQ ID NO:169、SEQ ID NO:170 和 SEQ ID NO:171 的氨基酸序列的相同序列选择性杂交。

在另一个方面，本发明提供了编码味觉转导 G-蛋白偶联受体的分离的核酸，受体含有与选自下列的序列具有大于约 60%氨基酸序列相同性，这些序列是：SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162、SEQ ID NO: 164。

在另一个方面，本发明提供了一种编码味觉转导 G-蛋白偶联受体的分离的核酸，其中核酸在高严格条件下与具有选自 SEQ ID NO: 78、SEQ ID NO: 80、SEQ ID NO: 82、SEQ ID NO: 84、SEQ ID NO: 86、SEQ ID NO: 88、SEQ ID NO: 90、SEQ ID NO: 92、SEQ ID NO: 94、SEQ ID NO: 96、SEQ ID NO: 98、SEQ ID NO: 100、SEQ ID NO: 102、SEQ ID NO: 104、SEQ ID NO: 106、SEQ ID NO: 108、SEQ ID NO: 110、SEQ ID NO: 112、SEQ ID NO: 114、SEQ ID NO: 116、SEQ ID NO: 118、SEQ ID NO: 120、SEQ ID NO: 122、SEQ ID NO: 124、SEQ ID NO: 126、SEQ ID NO: 128、SEQ ID NO: 130、SEQ ID NO: 132、SEQ ID NO: 134、SEQ ID NO: 136、SEQ ID NO: 138、

SEQ ID NO: 140、SEQ ID NO: 142、SEQ ID NO: 144、SEQ ID NO: 146、SEQ ID NO: 148、SEQ ID NO: 150、SEQ ID NO: 152、SEQ ID NO: 154、SEQ ID NO: 156、SEQ ID NO: 157、SEQ ID NO: 159、SEQ ID NO: 161、SEQ ID NO: 163、SEQ ID NO: 165 的核酸序列的核酸杂交，但不和具有选自 SEQ ID NO: 2、SEQ ID NO: 4、SEQ ID NO: 6、SEQ ID NO: 8、SEQ ID NO: 10、SEQ ID NO: 12、SEQ ID NO: 14、SEQ ID NO: 16、SEQ ID NO: 18、SEQ ID NO: 20、SEQ ID NO: 23、SEQ ID NO: 25、SEQ ID NO: 27、SEQ ID NO: 29、SEQ ID NO: 31、SEQ ID NO: 34、SEQ ID NO: 36、SEQ ID NO: 38、SEQ ID NO: 41、SEQ ID NO: 43、SEQ ID NO: 45、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 52、SEQ ID NO: 54、SEQ ID NO: 57、SEQ ID NO: 61 和 SEQ ID NO: 63 的核苷酸序列的核酸杂交。

在另一个方面，本发明提供了一种编码味觉转导 G-蛋白偶联受体的分离的核酸，该受体含有与具有下列氨基酸序列的多肽大于约 60%的氨基酸相同性，这些序列是：SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 和 SEQ ID NO: 164，其中核酸在中度严格杂交条件下和核苷酸序列选择性杂交，这些核苷酸序列选自：SEQ ID NO: 78、SEQ ID NO: 80、SEQ ID NO: 82、SEQ ID NO: 84、SEQ ID NO: 86、SEQ ID NO: 88、SEQ ID NO: 90、SEQ ID NO: 92、SEQ ID NO: 94、SEQ ID NO: 96、SEQ ID NO: 98、SEQ ID NO: 100、SEQ ID NO: 102、SEQ ID NO: 104、SEQ ID NO: 106、SEQ ID NO: 108、SEQ ID NO: 110、SEQ ID NO: 112、SEQ ID NO: 114、SEQ ID NO: 116、SEQ ID NO: 118、SEQ ID NO: 120、SEQ ID NO: 122、SEQ ID NO: 124、SEQ ID NO: 126、SEQ ID NO: 128、SEQ ID NO: 130、SEQ ID NO: 132、SEQ ID NO: 134、SEQ ID NO: 136、SEQ ID NO: 138、SEQ ID NO: 140、SEQ ID NO: 142、SEQ ID NO: 144、SEQ ID NO: 146、SEQ ID NO: 148、SEQ ID NO: 150、SEQ ID NO: 152、SEQ ID NO: 154、SEQ ID NO: 156、SEQ ID NO:

157、SEQ ID NO: 159、SEQ ID NO: 161、SEQ ID NO: 163 和 SEQ ID NO: 165, 但不和具有下列核苷酸序列的核酸杂交: SEQ ID NO: 2、SEQ ID NO: 4、SEQ ID NO: 6、SEQ ID NO: 8、SEQ ID NO: 10、SEQ ID NO: 12、SEQ ID NO: 14、SEQ ID NO: 16、SEQ ID NO: 18、SEQ ID NO: 20、SEQ ID NO: 23、SEQ ID NO: 25、SEQ ID NO: 27、SEQ ID NO: 29、SEQ ID NO: 31、SEQ ID NO: 34、SEQ ID NO: 36、SEQ ID NO: 38、SEQ ID NO: 41、SEQ ID NO: 43、SEQ ID NO: 45、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 52、SEQ ID NO: 54、SEQ ID NO: 57、SEQ ID NO: 61 和 SEQ ID NO: 63。

在另一方面, 本发明提供了编码味觉转导 G-蛋白偶联受体的胞外结构域或跨膜区或其组合的分离的核酸, 该胞外结构域或跨膜区与含有下列氨基酸序列的多肽的胞外结构域和跨膜区具有 60%以上的氨基酸序列相同性: SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 和 SEQ ID NO: 164。

在一个实施例中, 核酸编码一种受体, 该受体与针对具有下列氨基酸序列的多肽的多克隆抗体特异性结合: SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 和 SEQ ID NO: 164, 但不和针对具有下列氨基

酸序列的多肽产生的多克隆抗体结合：SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75 和 SEQ ID NO: 76。

在另一个实施例中，核酸编码含有选自下列的一个氨基酸序列的受体：SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162、SEQ ID NO: 164、SEQ ID NO: 166、SEQ ID NO: 167、SEQ ID NO: 168、SEQ ID NO: 169、SEQ ID NO: 170 和 SEQ ID NO: 171。

在另一个实施例中，核酸是含有选自：SEQ ID NO: 78、SEQ ID NO: 80、SEQ ID NO: 82、SEQ ID NO: 84、SEQ ID NO: 86、SEQ ID NO: 88、SEQ ID NO: 90、SEQ ID NO: 92、SEQ ID NO: 94、SEQ ID NO: 96、SEQ ID NO: 98、SEQ ID NO: 100、SEQ ID NO: 102、SEQ ID NO: 104、SEQ ID NO: 106、SEQ ID NO: 108、SEQ ID NO: 110、SEQ ID NO: 112、SEQ ID NO: 114、SEQ ID NO: 116、SEQ ID NO: 118、SEQ ID NO: 120、SEQ ID NO: 122、SEQ ID NO: 124、SEQ ID NO: 126、SEQ ID NO: 128、SEQ ID NO: 130、SEQ ID NO: 132、SEQ ID NO: 134、SEQ ID NO: 136、SEQ ID NO: 138、SEQ ID NO: 140、SEQ ID NO: 142、SEQ ID NO: 144、SEQ ID NO: 146、SEQ

ID NO: 148、SEQ ID NO: 150、SEQ ID NO: 152、SEQ ID NO: 154、SEQ ID NO: 156、SEQ ID NO: 157、SEQ ID NO: 159、SEQ ID NO: 161、SEQ ID NO: 163 和 SEQ ID NO: 165 的序列。

在另一个实施例中，核酸编码具有 G-蛋白偶联受体活性的受体。在另一个实施例中，核酸来自大鼠或小鼠。

在另一个实施例中，核酸编码与异源多肽连接的胞外结构域或跨膜区或其组合，形成嵌合多肽。在另一个实施例中，核酸编码多肽的胞外结构域，具有选自下列的氨基酸序列：SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162、SEQ ID NO: 164、SEQ ID NO: 166、SEQ ID NO: 167、SEQ ID NO: 168、SEQ ID NO: 169、SEQ ID NO: 170 和 SEQ ID NO: 171。

在另一个方面，本发明提供了一种表达载体，含有上述任何核酸。在另一个方面，本发明提供了含有表达载体的分离的细胞。

在另一个方面，本发明提供了一种分离的味觉转导 G-蛋白偶联受体，受体与选自 SEQ ID NO: 166、SEQ ID NO: 167、SEQ ID NO: 168、SEQ ID NO: 169、SEQ ID NO: 170 和 SEQ ID NO: 171 的序列具有大于约 50%的氨基酸相同性。

在另一个方面，本发明提供了一种分离的味觉转导 G-蛋白偶联受体，受体与选自 SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、

SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 和 SEQ ID NO: 164 的序列具有约 60%以上的氨基酸序列相同性。

在一个实施例中，受体含有选自 SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162、SEQ ID NO: 164、SEQ ID NO: 166、SEQ ID NO: 167、SEQ ID NO: 168、SEQ ID NO: 169、SEQ ID NO: 170 和 SEQ ID NO: 171 的氨基酸序列。

在另一个实施例中，受体与多克隆抗体特异性结合，这些多克隆抗体是针对具有选自 SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 和 SEQ ID NO: 164 的氨基酸序列的多肽产生的，但不和针对含有选自 SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、

SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75 和 SEQ ID NO: 76 的氨基酸序列的多肽产生的多克隆抗体杂交。在另一个实施例中，受体具有 G-蛋白偶联受体活性。在另一个实施例中，受体来自大鼠或小鼠。

在另一个实施例中，本发明提供了分离的多肽，它含有味觉转导 G-蛋白偶联受体的胞外结构域或跨膜区或其组合，胞外结构域或跨膜区与具有下列氨基酸序列的多肽的胞外结构域或跨膜区具有约 60% 以上的氨基酸序列相同性：SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 和 SEQ ID NO: 164。

在一个实施例中，多肽编码多肽的胞外结构域或跨膜区，含有选自：SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 和 SEQ ID NO: 164、SEQ ID NO: 166、SEQ ID NO: 167、SEQ ID NO: 168、SEQ ID

NO: 169、SEQ ID NO: 170 和 SEQ ID NO: 171 的氨基酸序列。在另一个实施例中，胞外结构域或跨膜区与异源多肽共价连接，形成嵌合多肽。

在一个方面，本发明提供了一种与受体选择性结合的抗体，该受体含有与选自：SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 和 SEQ ID NO: 164 的序列约 60%以上的氨基酸序列相同性。

在另一个方面，本发明提供了含有编码味觉转导 G-蛋白偶联受体的核酸的表达载体，其中在味觉细胞中表达受体，该受体含有与选自：SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 和 SEQ ID NO: 164 的序列约 60%以上的氨基酸序列相同性。

在另一个方面，本发明提供了用该表达载体转染的宿主细胞。

在另一个方面，本发明提供了含有编码人味觉转导 G-蛋白偶联受体的多核苷酸序列与异源启动子可操纵性连接的表达盒，其中受体含有与选自 SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、

SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75 和 SEQ ID NO: 76 的序列具有约 60%以上氨基酸序列相同性的氨基酸序列。

在一个实施例中，受体含有选自 SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75 和 SEQ ID NO: 76 的氨基酸序列。

在另一个方面，本发明提供了一种含有表达盒的分离的真核细胞。

附图简述

图 1 显示了 $G\alpha 15$ 将 μ 阿片样肽受体和 mGluR1 受体的激活与胞内钙的释放偶联起来。用 $G\alpha i$ 偶联的 μ 阿片样肽受体或 $G\alpha q$ 偶联的 mGluR1 受体瞬时转染 HEK-293 细胞。试验含 $G\alpha 15$ 的转染细胞在加入受体促效剂：(c)10 μ M DAMGO 和 (d)20 μ M 反式(±)1-氨基-1,3-环戊烷二甲酸(ACPD)之前(a,b)和之后(c,d)[Ca^{2+}]_i的增加。[Ca^{2+}]_i依赖于 $G\alpha 15$ (e,f 栏)。量度表示 FURA-2 发射比确定的[Ca^{2+}]_i(nM)。

图 2 显示牛视紫红质头 39 个氨基酸有效将 T2R 靶向到 HEK-293 细胞的质膜。用抗-视紫红质 mAb B6-30 检测了代表性 rho-T2R 融合蛋白转染的非通透化细胞的免疫荧光染色。

图 3 显示苦味化合物刺激了 T2R 受体。用 rho-mT2R5(a,d,g)、rho-hT2R4(b,e,h)

和 rho-mT2R8(c,f,l)转染 HEK-293 细胞。用 1.5 μ M 环己酰亚胺(d,g)刺激表达 mT2R5 的细胞,用 1.5mM 苯甲酸盐刺激表达 hT2R4 和 hT2R8 的细胞(e,f,h,i)。G α -15 不存在时,观察不到[Ca²⁺]_i的增加(g-i);相反在存在味道物(d-f)时观察到强 G α 15 依赖性反应;量度表示 FURA-2 发射比确定的[Ca²⁺]_i(nM)。直线痕迹(j-l)显示栏(d-f)的代表性细胞[Ca²⁺]_i改变的动力学;箭头表示加入味道。

图 4 显示 mT2R5 是环己酰亚胺的味觉受体。(a)用 2 μ M 环己酰亚胺(CYX)、3mM 6-正丙基硫脲(PROP)或 5mM 地那铵(DEN)的多次脉冲攻击表达 G α 15 和 rho-mT2R5 的 HEK-293 细胞;上方的点和水平条表示味道脉冲的时间和持续时间。环己酰亚胺触发了强受体激活。该实验还说明为了重复刺激或在持续施加刺激过程中的脱敏作用。(b)对环己烯亚胺的反应是高度特异性的,在加入缓冲液(CON)或高浓度的其它味道后未观察不到。使用的缩写和浓度是:环己酰亚胺, CYX(5 μ M);阿托品, ATR(5mM);番木鳖碱, BRU(5mM);咖啡酸, CAFF(2mM);地那铵, DEN(5mM);表儿茶精, (-)EPI(3mM);苯基硫脲, PTC(3mM);6-正丙基硫脲嘧啶, PROP(10mM);糖精, SAC(10mM);马钱子碱, STR(5mM);蔗糖八乙酸酯, SOA(3mM)。柱表示至少 6 个独立实验的平均 $\pm$ 标准偏差。(c)品尝者(DBA/2-等位基因)和非品尝者(C57BL/6-等位基因)品系的 mT2R5 基因介导对环己酰亚胺脉冲的不同[Ca²⁺]_i变化。水平条描述刺激的时间和持续时间。在刺激之间经过 200 秒,确保细胞不会由于持续施加环己酰亚胺去极化。(d)mT2R5 的环己酰亚胺剂量应答。[Ca²⁺]_i的改变表示成标准化成 30 μ M 环己酰亚胺时的反应的 FURA-2(F340/F380)比。非品尝者等位基因显示相对于品尝者等位基因,对环己酰亚胺敏感度的显著下降(分别是约 2.3 μ M 的 EC₅₀ 对 0.5 μ M)。

图 5 显示 hT2R4 和 mT2R8 对地那铵的反应。用 hT2R4 或 mT2R8 受体瞬时转染表达 G α 15 的 HEK-293 细胞,如图 3 所示监测[Ca²⁺]_i。(a)[Ca²⁺]_i中的增加可由地那铵的刺激诱导,但不能被各种其它苦味化合物诱导。显示了(b)hT2R4 和(c)mT2R8 对一组 55 种不同苦味和甜味味道中的 9 个的反应情况(见实验方法)。CON 指对照缓冲液加入, NAR 是 2mM 柚苷, LYS 是 5mM 赖氨酸。其它缩写和浓度如图 4 所报道。加入配体前后的平均 FURA-2 荧光比(F340/380)是从 100 个大小相等的含有全部反应细胞的区域中获得的。值代表至少 6 个实验的平均值 $\pm$ 标准误差。

图 6 显示环己酰亚胺品尝者和非品尝者品系表达不同的 T2R5 等位基因。(a)mT2R5 预测的跨膜形态;标出非品尝者品系的等位基因中氨基酸的取代(SEQ ID

NO:172)。由于具有相同多形性的品系衍生自同一发现者(Beck 等, Nat Genet 24:23-55(2000)), 可以预测该诸位仅存在两种等位基因。原位杂交显示在(b)环己酰亚胺品尝者品系(DBA/2)和(c)非品尝者品系(C57BL/6)的周缘乳头的细胞亚组中 mT2R5 的表达; 在口腔其它区域的味蕾中检测不到表达模式中的品系特异性差异。

图 7 显示了 mT2R5 激活 gustducin 对环己酰亚胺的反应。(a)在 300 μ M 环己酰亚胺存在下, 但在没有配体(对照), 或 1mM 阿托品、番木鳖碱、咖啡因、地那铵、苯基硫脲、6-正丙基硫脲嘧啶、奎宁、糖精、马钱子碱、蔗糖八乙酸酯下的含有 mT2R5 的昆虫幼虫细胞膜。(b)用单位点结合($K_d=14.8\pm0.9\mu$ M)配合 mT2R5 gustducin 激活依赖性的环己酰亚胺浓度。

图 8 提供了一张表, 包括许多人、大鼠和小鼠 T2R 家族成员的核酸和蛋白质序列(SEQ ID NO:1-165)。

发明详述

I. 介绍

本发明提供了编码味觉细胞特异性 G-蛋白偶联受体新家族的核酸。这些核酸及其编码的受体称为味觉细胞特异性 G 蛋白偶联受体的“T2R”家族成员。这些味觉细胞特异性 GPCR 是味觉转导途径, 如苦味转导途径的成员, 而且与物质, 如苦味物质 6-正丙基硫脲嘧啶(PROP)、蔗糖八乙酸酯(soa)、棉子糖十一乙酸酯(roa)、环己酰亚胺(cyx)、地那铵、甘氨酸铜(Glb)和奎宁(qui)的味道检测有关。

这些核酸提供了用于鉴定味觉细胞的有价值探针, 因为这些核酸在味觉细胞中特异性表达。例如, 可用 T2R 多肽和蛋白质的探针鉴定叶状细胞、周缘细胞、和蕈状乳头, 以及存在于 geschmackstreifen 和会厌中的味觉细胞。特别是, T2R 探针可用于鉴定苦味感测、表达 gustducin 的细胞。它们也可作为工具, 产生味觉局部解剖图, 阐明舌头的味觉细胞和与大脑味觉中枢连接的味觉神经元之间的关系。另外, 可用这些核酸及其编码的蛋白作为探针来研究味觉诱导行为。

本发明还提供了筛选这些新颖味觉细胞 GPCR 的调节剂, 如活化剂、抑制剂、刺激剂、增强剂、促效剂和拮抗剂的方法。这些味觉转导调节剂可用于味觉信号传递途径的药物学和遗传学调节。可用这些筛选方法鉴定味觉细胞活性的高亲和力促效剂和拮抗剂。然后可将这些调节性化合物用于食品和制药工业, 来按要求改变味道, 例如减少食物或药物的苦味。因此, 本发明提供了味觉调节的试验方法, 其中 T2R 家族的成员作为调节剂对味觉转导作用的直接或间接报告分子。可在一些实

验,如测量配体结合、离子浓度、膜电势、电流、离子流、转录、信号转导、受体配体相互反应、体外、体内和活体外第二信使浓度的变化中使用 GPCR。在一个实施例中,可通过 T2R 家族的成员与第二报道分子,如绿色荧光蛋白结合(见例如, Mistili & Spector, 自然生物技术 15: 961-964(1997))作为间接报道物。在另一个实施例中,在细胞中重组表达 T2R 家族的成员,并测量 Ca^{2+} 水平和其它细胞内信使,如 cAMP、cGMP 和 IP3 的变化检测通过 GPCR 作用的味觉转导的调节。

在一个优选例中,在真核细胞中用异源嵌合体序列表达作为嵌合受体的 T2R 多肽,该异源嵌合体序列促进其成熟和通过分泌途径靶向。在一个优选例中,异源序列是视紫红质序列,如视紫红质的 N-末端片段。可在任何真核细胞,如 HEK-293 细胞中表达这些嵌合的 T2R 受体。优选细胞含有功能性 G 蛋白,如 $\text{G}\alpha_{15}$,它可将嵌合受体与胞内信号传递途径,或与信号传递蛋白如磷脂酶 $\text{C}\beta$ 偶联。可用任何标准方法,如通过检测细胞中 FURA-2 依赖性荧光检测胞内钙水平的变化,来检测这些细胞中这些嵌合受体的活化。

检测味觉转导的调节剂的方法包括用 T2R 多肽、其部分如胞外结构域或跨膜区或其组合、或含有 T2R 家族成员的一个或多个结构域的嵌合蛋白的体外配体结合试验;卵母细胞或组织培养细胞的 T2R 基因表达,或 T2R 片段或融合蛋白,如视紫红质融合蛋白的表达;T2R 基因的转录活化;T2R 家族成员的磷酸化和去磷酸化;G-蛋白和 GPCR 的结合;配体结合试验;电压、膜电势和电导变化;离子流试验;胞内第二信使如 cGMP、cAMP 和三磷酸肌醇的变化;胞内钙水平的变化;和神经递质释放的体外配体结合试验。

最后,本发明提供了检测 T2R 核酸和蛋白质表达的方法,可实现对味觉转导调控的研究和对味觉受体细胞的特异性鉴定。T2R 家族成员还提供了可用于亲子鉴定和法医调查的核酸探针。T2R 基因作为核酸探针,可鉴定味觉受体细胞,如叶状、蕈状、周缘、geschmackstreifen 和会厌味觉受体细胞,特别是可感受苦味、表达 gustducin 的细胞。还可用 T2R 受体产生单克隆和多克隆抗体,用于鉴定味觉受体细胞。可用反转录和 mRNA 扩增,分离总 RNA 或聚腺苷酸 RNA, RNA 印迹、斑点印迹、原位杂交、RNase 保护、S1 消化、探测 DNA 微芯片阵列、蛋白质印迹等技术鉴定味觉受体细胞。

T2R 基因包括相关味觉细胞特异性 G-蛋白偶联受体的一个大家族。在基因组内,这些基因单独存在或存在于几个基因簇之一内。位于人基因组区 12p13 的一个基因簇含有至少 9 个基因,而第二个位于 7q31 的基因簇含有至少 4 个基因。总的

说已鉴定了 50 个以上不同的 T2R 家族成员，含有 80-120 个之多的不同 T2R 基因，编码 40-80 个之多的功能性人受体。

T2R 基因中的一些已与之前作图的味觉特异性座位联系起来。例如，人 T2R01 被精确的定位于人基因间隔区 5p15，其中之前作图确定具有尝出 PROP 物质的能力的座位。另外，在基因组区 12p13 发现的人基因簇对应于小鼠 6 号染色体的一个区域，该区域显示含有许多尝苦味的基因，包括蔗糖八乙酸酯、视紫红质乙酸酯、环己酰亚胺和奎宁(见例如 Lush 等，Genet. Res. 6:167-174(1995))。这些联系表明 T2R 基因与各种物质的味觉检测，特别是苦味物质的味觉检测有关。另外，如实施例 7(见下)所示，小鼠 T2R5 对环己酰亚胺特别具有感受性，mT2R5 基因中的突变产生 Cyx 表型。类似的，人 T2R4 和小鼠 T2R8 特别对地那铵和 PROP 具有感受性。

功能上，T2R 基因代表与味觉转导有关的 7 个跨膜 G-蛋白偶联受体的家族，其与 G-蛋白相互作用，介导味觉信号转导(见例如，Fong，Cell Signal 8: 217(1996); Baldwin，Curr. Opin. Cell. Biol. 6: 180(1994))。特别是 T2R 以配体特异性方式与 G 蛋白 Gustducin 相互作用。

结构上，T2R 家族成员的核苷酸序列(见例如 SEQ ID NO: 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、23、25、27、29、31、34、36、38、41、43、45、51、52、54、57、61、63、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、157、159、161、163 和 165，分别分离自大鼠、小鼠和人)编码相关的多肽(含有一个胞外结构域、7 个跨膜结构域和一个胞质结构域)家族。其它动物的相关 T2R 家族基因在长度至少约 50 个氨基酸，可任选在长度为 100、200、500 或更多个氨基酸的区域中与 SEQ ID NO: 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、23、25、27、29、31、34、36、38、41、43、45、51、52、54、57、61、63、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、157、159、161、163 或 165 具有至少约 60%的核苷酸相同性，或编码与 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、22、24、26、28、30、32、33、35、37、39、40、42、44、46、47、48、49、50、51、53、55、56、58、59、60、62、64、65、66、67、68、69、70、71、72、73、74、75、76、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、

121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、151、153、155、158、160、162 或 164 在长度至少约 25 个氨基酸，可任选 50-100 个氨基酸的氨基酸区域内具有至少约 60%的核苷酸序列相同性的多肽。T2R 基因在味觉细胞中特异性表达。

还鉴定出几种 T2R 家族成员特有的共有氨基酸序列或结构域。例如。T2R 家族通常具有与 SEQ ID NO:166(对应于例如 SEQ ID NO:1 中的氨基酸位置 16-35 和 T2R 跨膜区 1)、SEQ ID NO:167(对应于例如 SEQ ID NO:1 中的氨基酸位置 45-58 和 T2R 跨膜区 2)、SEQ ID NO:168(对应于例如 SEQ ID NO:1 中的氨基酸位置 89-101 和 T2R 跨膜区 3)、SEQ ID NO:169(对应于例如 SEQ ID NO:1 中的氨基酸位置 102-119 和 T2R 跨膜区 3)、SEQ ID NO:170(对应于例如 SEQ ID NO:1 中的氨基酸位置 196-209 和 T2R 跨膜区 5)、或 SEQ ID NO:171(对应于例如 SEQ ID NO:35 中的氨基酸位置 273-286 和 T2R 跨膜区 7)具有至少约 50%、可任选 55%、60%、65%、70%、75%、80%、85%、90%、95%或更高的相同性的序列。因此，可用这些保守结构域通过%相同性鉴定、特异性杂交或扩增，或用对一个结构域产生的抗体特异性结合鉴定 T2R 家族的成员。

几个 T2R 基因代表彼此的明显直向同源物。例如，人 T2R01(SEQ ID NO: 1、2)、大鼠 T2R01(SEQ ID NO: 77、78)和小鼠 T2R19(SEQ ID NO:141、142)是明显的直向同源物。另外，大鼠 T2R08(SEQ ID NO:91、92)和小鼠 T2R02(SEQ ID NO:107、108)在氨基酸序列水平大约有 74%的相同性，彼此对人 T2R13(SEQ ID NO:24、25)具有至少约 50%的相同性。大鼠 T2R03(SEQ ID NO:81、82)和小鼠 T2R18(SEQ ID NO:139、140)大约有 92%的相同性，分别与人 T2R16(SEQ ID NO:30、31)具有至少约 50%的相同性。最后，人 T2R04(SEQ ID NO:7、8)和小鼠 T2R08(SEQ ID NO:119、120)彼此具有至少约 67%的相同性。

本发明还提供了本文描述的 T2R 蛋白的多态变体。例如，SEQ ID NO:77 中描述的大鼠 T2R 中：变体#1，其中氨基酸位置 7 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 20 的甘氨酸残基被丙氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:79 中描述的 T2R 蛋白的多态体：变体#1，其中氨基酸位置 2 的苯丙氨酸残基被酪氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 62 的异亮氨酸残基被缬氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:81 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 179 的天冬酰胺残基被谷氨酰胺残基取代；变体#2，其中氨基酸位置

183 的甲硫氨酸残基被半胱氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:83 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 4 的丙氨酸残基被甘氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 63 的异亮氨酸残基被亮氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:85 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 56 的异亮氨酸残基被缬氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 57 的半胱氨酸残基被甲硫氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:87 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 4 的缬氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 5 的甘氨酸残基被丙氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:89 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 79 的甘氨酸残基被丙氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 127 的赖氨酸残基被精氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:91 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 28 的缬氨酸残基被亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 80 的赖氨酸残基被精氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:93 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 75 的赖氨酸残基被精氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 251 的半胱氨酸残基被甲硫氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:95 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 48 的丝氨酸残基被苏氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 49 的缬氨酸残基被异亮氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:97 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 25 的天冬氨酸残基被谷氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 100 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:99 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 4 的苏氨酸残基被丝氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 74 的缬氨酸残基被异亮氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:101 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 9 的谷氨酰胺残基被天冬酰胺残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 18 的酪氨酸残基被色氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:103 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 26 的丝氨酸残基被苏氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 8 的缬氨酸残基被异亮氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:105 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 4 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 46 的赖氨酸残基被精氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:107 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 3 的丝氨酸残基被苏氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 28 的缬氨酸残基被异亮氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:109 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 26 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 50 的赖氨酸残基被精氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:111 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 4 的丙氨酸残基被甘氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 60 的色氨酸残基被苯丙氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:113 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 62 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 244 的甘氨酸残基被丙氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:115 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 3 的苏氨酸残基被丝氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 123 的精氨酸残基被赖氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:117 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 65 的谷氨酰胺残基被天冬酰胺残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 68 的异亮氨酸残基被亮氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:119 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 2 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 4 的谷氨酸残基被天冬氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:121 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 16 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 46 的赖氨酸残基被精氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:123 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其

中氨基酸位置 9 的丝氨酸残基被苏氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 14 的苯丙氨酸残基被色氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:125 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 24 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 53 的赖氨酸残基被精氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:127 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 51 的色氨酸残基被苯丙氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 101 的赖氨酸残基被精氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:129 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 4 的缬氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 52 的丙氨酸残基被甘氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:131 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 150 的赖氨酸残基被精氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 225 的缬氨酸残基被亮氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:133 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 27 的异亮氨酸残基被亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 127 的精氨酸残基被赖氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:135 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 102 的丝氨酸残基被苏氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 220 的天冬氨酸残基被谷氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:137 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 24 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 45 的赖氨酸残基被精氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:139 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 50 的异亮氨酸残基被亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 53 的甘氨酸残基被丙氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:141 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 76 的苏氨酸残基被丝氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 131 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:143 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 98 的甘氨酸残基被丙氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 153

的色氨酸残基被苯丙氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:145 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 8 的异亮氨酸残基被亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 100 的丙氨酸残基被甘氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:147 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 52 的丙氨酸残基被甘氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 75 的亮氨酸残基被缬氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:149 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 44 的精氨酸残基被赖氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 49 的缬氨酸残基被亮氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:151 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 5 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 25 的甘氨酸残基被丙氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:153 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 7 的天冬氨酸残基被谷氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 60 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:155 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 7 的缬氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 23 的丙氨酸残基被甘氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:158 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 5 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 21 的甘氨酸残基被丙氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:160 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 5 的缬氨酸残基被亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 23 的甘氨酸残基被丙氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:162 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 22 的亮氨酸残基被异亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 34 的甘氨酸残基被丙氨酸残基取代。

本发明还提供了 SEQ ID NO:164 中描述的 T2R 蛋白的多态变体：变体#1，其中氨基酸位置 49 的异亮氨酸残基被亮氨酸残基取代；变体#2，其中氨基酸位置 76 的赖氨酸残基被精氨酸残基取代。

可用 T2R 核苷酸和氨基酸序列的特定区域来鉴定 T2R 家族成员的多态变体、种间同系物和等位基因。可在体外，如严格杂交条件下或 PCR(用编码 SEQ ID NO: 166-171 的引物)和测序，或使用计算机系统序列信息与其它核苷酸序列比较，进行该鉴定。通常，通过比较约 25 个氨基酸或更多，如 50-100 个氨基酸的氨基酸序列来进行对 T2R 家族成员的多态变体和等位基因的鉴定。至少约 60%或以上，可任选 65%、70%、75%、80%、85%或 90-95%或以上相同的氨基酸通常证明一个蛋白质是 T2R 家族成员的多态变体、种间同系物、或等位基因。可用任何一种下文讨论的序列比较算法进行序列比较。还可用特异性结合 T2R 多肽或其保守区域的抗体鉴定等位基因、种间同系物和多态变体。

通过检测推定 T2R 多肽的味觉细胞特异性表达证实了 T2R 基因的多态变体、种间同系物和等位基因。通常，用具有 SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75、SEQ ID NO: 76、SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 或 SEQ ID NO: 164 的氨基酸序列的 T2R 多肽作为与推定 T2R 蛋白比较的阳性对照，来证明对 T2R 家族成员的多态变体或等位基因

的鉴定。多态变体、等位基因和种间同系物将预期保留 G-蛋白偶联受体的 7 次跨膜结构。

本发明还提供了 T2R 受体的核苷酸序列，可用于驱动多核苷酸的味觉细胞特异性表达，尤其在感受苦味物质，表达 *gustducin* 的味觉细胞中。

还可用 T2R 家族成员的核苷酸和氨基酸序列信息在计算机系统中构建味觉细胞特异性多肽的模型。然后用这些模型来鉴定能活化或抑制 T2R 受体蛋白的化合物。可用这些调节 T2R 家族成员活性的化合物研究 T2R 基因在味觉转导中的作用。

T2R 家族成员的分离首次提供了检验 G-蛋白偶联受体味觉转导的抑制剂和激活物的方法。生物学活性的 T2R 蛋白用于测试作为味觉转导物的 T2R 的抑制剂和激活物，使用体内和体外表达，测量如：T2R 依赖性基因的转录活化；配体结合；磷酸化和去磷酸化；与 G-蛋白的结合；G-蛋白活化；调控分子结合；电压、膜电势和电导改变；离子流；胞内第二信使，如 cAMP 和三磷酸肌醇；胞内钙水平；和神经递质释放。用 T2R 家族成员鉴定的这些激活剂和抑制剂可用于进一步研究味觉转导和鉴定特异性味觉促效剂和拮抗剂。这些激活剂和抑制剂可用于药物和食品制剂来按要求改变味觉，例如，减少食物或药品中的苦味。

本发明还提供了试验方法，优选高通量试验方法，来鉴定与 T2R 多肽相互作用和/或调节它的分子。在许多试验中，用 T2R 家族成员的一个特定结构域，如胞外、跨膜、或胞内结构域或区域。在许多实施例中，一个胞外结构域或跨膜结构域或其组合与固相基质结合，用于例如分离配体、促效剂、拮抗剂或任何其它可以与 T2R 多肽的胞外结构域或跨膜区域结合和/或调节其活性的分子。在一些实施例中，T2R 多肽的结构域，如胞外、跨膜或胞内结构域与异源多肽融合，从而形成嵌合多肽，如具有 G 蛋白偶联受体活性的嵌合多肽。这些嵌合多肽可用于例如鉴定配体，促效剂、拮抗剂或其它 T2R 多肽的调节剂。另外，这些嵌合多肽可用于产生具新配体结合特异性、调节模式、信号转导途径等或其它这些性质的新味觉受体，或产生具有新的配体结合特异性、调控模式、信号转导途径等的组合的新味觉受体。

检测 T2R 核酸和 T2R 多肽表达的方法也可用来鉴定味觉细胞，并建立舌的局部解剖图和舌味觉受体细胞与大脑中味觉神经元之间的关系。特别是检测 T2R 的方法可用于鉴定对苦味物质敏感的味觉细胞。可用编码人 T2R 基因的基因染色体定位，来鉴定由 T2R 家族成员导致或相关的疾病、突变和性状。

II. 定义

如本文所用，下列术语(除非另外指定)具有赋予它们的意义。

“味觉细胞”是神经上皮细胞，其组成若干组，形成舌头的味蕾，如叶状、蕈状和周缘细胞(见例如，Roper 等，*Ann. Rev. Neurosci.* 12: 329-353(1989))。味觉细胞还包括上颌和其它可能含有味觉细胞的组织，如食道和胃的细胞。

“T2R”指 G-蛋白偶联受体家族的一个或多个成员，其在味觉受体细胞，如叶状、蕈状和周缘细胞，以及上颌、食道和胃的细胞中表达(见例如 Hoon 等，*Cell* 96: 541-551(1999)，在此完全引入以供参考)。该家族还可称为“SF 家族”(见例如，*USPN* 09/393, 634)。可鉴定这些味觉细胞，因为其表达特异性分子，如 *Gustducin* 味转导素，一种味觉细胞特异性 G 蛋白(McLaughlin 等，*Nature* 357: 563-569(1992))。还可根据形态学鉴定味觉受体细胞(见例如 Roper，见上)。T2R 家族成员能起味觉转导受体的作用，T2R 家族成员对于味觉受体还称为“GR”家族，或“SF”家族。

“T2R”核酸编码具有 7 个跨膜区的，具有“G-蛋白偶联受体活性”的 GPCR 家族，例如，它们在对胞外刺激的反应中，与 G-蛋白结合，并通过磷脂酶 C 和腺苷酸环化酶等酶的刺激促使产生第二信使，如 IP₃、cAMP、cGMP 和 Ca²⁺(对于 GPCR 的结构和功能的描述，见例如 Fong，见上，和 Baldwin，见上)。图 2 提供了提供某些 T2R 家族成员之间的关系的分枝图。这些核酸编码在味觉细胞中表达的蛋白质，特别是对苦味物质有反应的表达 *Gustducin* 的味觉细胞。一个味觉细胞可含有许多不同的 T2R 多肽。

因此，术语“T2R”家族指多态变体、等位基因、突变物和种间同系物，它们：
(1) 在一个约 25 个氨基酸，可任选 50-100 个氨基酸的窗口上具有和 SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75、SEQ ID NO: 76、SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、

SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 或 SEQ ID NO: 164 约 60%，可任选的约 75、80、85、90 或 95%相同的氨基酸序列；(2)能与针对含有选自 SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75、SEQ ID NO: 76、SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 和 SEQ ID NO: 164 的氨基酸序列及其保守修饰变化的免疫原的抗体结合；(3)在严格杂交条件下，与选自 SEQ ID NO: 2、SEQ ID NO: 4、SEQ ID NO: 6、SEQ ID NO: 8、SEQ ID NO: 10、SEQ ID NO: 12、SEQ ID NO: 14、SEQ ID NO: 16、

SEQ ID NO: 18、SEQ ID NO: 20、SEQ ID NO: 23、SEQ ID NO: 25、SEQ ID NO: 27、SEQ ID NO: 29、SEQ ID NO: 31、SEQ ID NO: 34、SEQ ID NO: 36、SEQ ID NO: 38、SEQ ID NO: 41、SEQ ID NO: 43、SEQ ID NO: 45、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 52、SEQ ID NO: 54、SEQ ID NO: 57、SEQ ID NO: 61、SEQ ID NO: 63、SEQ ID NO: 78、SEQ ID NO: 80、SEQ ID NO: 82、SEQ ID NO: 84、SEQ ID NO: 86、SEQ ID NO: 88、SEQ ID NO: 90、SEQ ID NO: 92、SEQ ID NO: 94、SEQ ID NO: 96、SEQ ID NO: 98、SEQ ID NO: 100、SEQ ID NO: 102、SEQ ID NO: 104、SEQ ID NO: 106、SEQ ID NO: 108、SEQ ID NO: 110、SEQ ID NO: 112、SEQ ID NO: 114、SEQ ID NO: 116、SEQ ID NO: 118、SEQ ID NO: 120、SEQ ID NO: 122、SEQ ID NO: 124、SEQ ID NO: 126、SEQ ID NO: 128、SEQ ID NO: 130、SEQ ID NO: 132、SEQ ID NO: 134、SEQ ID NO: 136、SEQ ID NO: 138、SEQ ID NO: 140、SEQ ID NO: 142、SEQ ID NO: 144、SEQ ID NO: 146、SEQ ID NO: 148、SEQ ID NO: 150、SEQ ID NO: 152、SEQ ID NO: 154、SEQ ID NO: 156、SEQ ID NO: 157、SEQ ID NO: 159、SEQ ID NO: 161、SEQ ID NO: 163 和 SEQ ID NO: 165 及其保守修饰变化的序列特异性杂交(大小至少约 100,500, 可任选至少约 500-1000 个核苷酸); (4) 含有至少与选自 SEQ ID NO: 166、SEQ ID NO: 167、SEQ ID NO: 168、SEQ ID NO: 169、SEQ ID NO: 170 和 SEQ ID NO: 171 的氨基酸序列具有至少约 50%相同性的序列; 或(5)用在严格条件下与编码 SEQ ID NO: 166、SEQ ID NO: 167、SEQ ID NO: 168、SEQ ID NO: 169、SEQ ID NO: 170 和 SEQ ID NO: 171 的简并引物相同的序列特异性杂交的引物扩增出来。

拓扑形态上, 感受 GPCR 具有“N-末端结构域”、“胞外结构域”、含有 7 个跨膜区和对应胞质和胞外环的“跨膜结构域”、“胞质结构域”和“C-末端结构域”(见例如 Hoon 等, Cell 96:541-551(1999); Buck & Axel, Cell 65:175-187(1991))。可用本领域技术人员已知的方法从结构上鉴定这些功能域, 如鉴定疏水和亲水结构域的序列分析程序(见例如 Stryer, Biochemistry(第三版, 1998); 另见许多基于互联网的序列分析程序, 如 dot.imgen.bcm.tmc.edu)。这些功能域对于制备本发明的嵌合蛋白和体外试验, 如配体结合试验是有用的。

因此, “胞外功能域”指 T2R 多肽的突出于细胞膜并暴露于细胞胞外面的结构域。该结构域将包括暴露于细胞胞外表面的“N-末端结构域”和暴露于细胞胞外表面的跨膜结构域的胞外环, 即跨膜区域 2 和 3, 和跨膜区域 4 和 5 之间的环。“N 末端结构域”区域从 N-末端开始, 延伸到紧靠跨膜结构域起始位置的地方。这些胞外结构域用于液相和固相的体外配体结合试验。另外, 下文所述的跨膜区域还与

胞外结构域组合或单独与配体结合，因此也用于体外结合试验。

包含 7 个跨膜“区域”的“跨膜功能域”指 T2R 多肽的结构域位于质膜内，还包括对应的胞质(胞内)和胞外环，也称为跨膜结构域“区域”。可用标准方法，如(见例如 Kyte & Doolittle, 分子生物学杂志 157: 105-132(1982))所述的方法鉴定 7 个跨膜区域和胞外和胞质环。

“胞质结构域”指 T2R 蛋白面向细胞内侧的结构域，如“C 末端结构域”和跨膜结构域的胞内环，如跨膜区域 1 和 2 之间的胞内环和跨膜区域 3 和 4 之间的胞内环。“C-末端结构域”指跨越蛋白质最后一个跨膜结构域的终点和 C-末端的区域，通常位于胞质内。

本文所用的“生物学样品”是含有编码一种或多种的 T2R 蛋白的一种或多种 T2R 核酸的生物组织或液体样品。这些样品包括但不限于：分离自人、小鼠和大鼠，具体是舌、上颚或其它可能含有味觉细胞的组织，如食道和胃。生物学样品还包括供组织学研究目的的组织切片，如冰冻切片。通常生物学样品获自真核生物，如昆虫、原生动物、鸟类、鱼类、爬行类和优选哺乳动物，如大鼠、小鼠、牛、狗、豚鼠、或家兔，和最优选的是灵长类，如黑猩猩或人。

“GPCR 活性”指 GPCR 转导信号的活性。可在异源细胞中，通过将 GPCR(或嵌合性 GPCR)与 G-蛋白或混杂 G-蛋白(如 G α 15)和 PLC 等酶偶联，并通过(Offermans & Simon J. Biol. Chem. 270: 15175-15180(1995))测量胞内钙的升高，来测量这种活性。可用荧光 Ca $^{2+}$ -指示剂染料和荧光显像记录配体诱导的[Ca $^{2+}$]_i变化，有效测量受体活性。可任选的，本发明的多肽与感觉转导，可任选的，味觉细胞中的味觉转导有关。

在测试调节 T2R 家族成员介导的味觉转导的化合物试验中，词组“功能作用”包括测定任何在该受体直接或间接影响下的参数，如功能、物理和化学作用。它包括配体结合、离子流变化、膜电势、电流、转录、G-蛋白结合、GPCR 磷酸化或去磷酸化，信号转导、受体-配体相互作用，第二信使浓度(如 cAMP、cGMP、IP3、或胞内 Ca $^{2+}$)体外、体内、和活体外的变化，还包括增加或减少神经递质或激素释放等的其它生理学作用。

通过“测定功能作用”指测试能提高或降低间接或直接受 T2R 家族成员影响的，如功能性、物理和化学作用的参数的化合物。这些功能性作用可通过本领域技术人员已知的任一方法测量，如光谱特征(如荧光、吸光度、折射指标)、流体动力学(如形状)、色谱分析、或可溶性能的变化，膜片钳、电压敏感性染料、全细胞电

流、放射性同位素射流、可诱导标记、卵母细胞 T2R 基因表达；配体结合试验；电压、膜电势和电导的变化；离子流试验；胞内第二信使，如 cAMP、cGMP 和三磷酸肌醇(IP3)的变化；胞内钙水平的变化；神经递质释放等。

可互换的使用 T2R 基因或蛋白质的“抑制剂”、“激活物”和“调节剂”，指抑制、活化或调节味觉转导用体外和体内试验鉴定的分子，如配体、促效剂、拮抗剂及其同类物和模仿物。抑制剂是能与刺激物结合，而部分或完全封闭刺激，降低，防止，延缓活化，灭活，脱敏，或下调味觉转导的化合物，如拮抗剂。激活物是例如：结合、刺激、提高、打开、活化、促进、增强活化、致敏或上调味觉转导的化合物，如促效剂。调节剂包括例如：改变受体与胞外蛋白质(其与激活物或抑制剂结合)(如舌腺蛋白和其它疏水载体家族的成员)相互反应；G-蛋白；激酶(如视紫红质激酶和 β -肾上腺素受体激酶，其与受体灭活和脱敏有关)；和视紫红质样抑制蛋白(它也灭活和脱敏受体)的相互作用。调节剂包括 T2R 的遗传修饰形式，如改变的活性，以及天然存在和合成的配体，拮抗剂，促效剂，小化学分子等。抑制剂和激活剂的这些试验包括例如：在细胞或细胞膜中表达 T2R，应用推定的调节剂化合物，然后如上所述测定对味觉转导的功能性作用。将包含用可能的激活剂、抑制剂或调节剂处理的 T2R 的试验样品，与不含抑制剂、激活剂或调节剂的对照样品比较，来检测抑制程度。将对照样品(未用抑制剂处理)指定为相对 T2R 活性值 100%。当相对对照的 T2R 活性值是大约 80%时，可任选 50%或 25-0%，即实现了 T2R 的抑制。当相对于对照的 T2R 活性值是约 110%，可任选 150%或 200-500%，或 1000-3000%以上时，即实现了 T2R 的活化。

“生物学活性” T2R，指具有如上所述 GPCR 活性的 T2R，与味觉受体细胞的味觉转导，特别是苦味味觉转导有关。

术语“分离的”、“纯化的”或“生物学纯的”指某物质基本或根本没有其天然状态下通常伴随它的成分。通常用分析化学技术，如聚丙烯酰胺凝胶电泳或高效液相层析测定纯度或均一性。在制备物中是主要物质的某蛋白质是基本纯化的。具体说，分离的 T2R 核酸是与 T2R 基因旁侧编码 T2R 以外的蛋白质的开放阅读框相分开。术语“纯化的”指核酸或蛋白在电泳凝胶上基本只产生一条条带。特别是，它指核酸或蛋白质是至少 85%纯的，可任选至少 95%纯的，和可任选至少 99%纯的。

“核酸”指脱氧核糖核苷酸或核糖核苷及其单链或双链形式的聚合物。术语包括含有已知核苷酸同类物或修饰的骨架残基或连接键，或合成的、天然存在的、和非天然存在的核酸，它们具有参比核酸相似的结合性能。它们以参比核苷酸相似

的方式代谢。这些同类物的例子包括但不限于：硫代磷酸酯、磷酰胺、磷酸甲酯、手性磷酸甲酯、2-O-甲基核糖核苷酸、肽-核酸(PNA)。

除非另有注明，特定核酸序列还包含其保守性修饰的变体(如简并密码子取代物)和互补序列，以及明确标出的序列。特别是，可通过产生在一个或多个选择的(或全部)密码子的第三个位置以混合的碱基和/或脱氧次黄嘌呤残基取代的序列，而实现简并密码子取代(Batzer 等, *Nucleic Acid Res.* 19: 5081(1991); Ohtsuka 等, *J. Biol. Chem.* 260: 2605-2608(1995); Rossolini 等, *Mol. Cell. Probes* 8: 91-98(1994))。术语核酸与基因，cDNA，mRNA，寡核苷酸和多核苷酸可互换使用。

本文可互换使用术语“多肽”、“肽”和“蛋白质”，指氨基酸残基的聚合物。该术语用于以下氨基酸聚合物，即其中一个或多个氨基酸残基是对应的天然存在的氨基酸的人工化学模拟物，以及天然存在的氨基酸聚合物和非天然存在的氨基酸聚合物。

术语“氨基酸”指天然存在和合成的氨基酸，以及氨基酸同类物和氨基酸模拟物，它们的功能在某方面和天然存在的氨基酸相似。天然存在的氨基酸是那些由遗传密码编码的，以及后来被修饰的氨基酸，如羟基脯氨酸、 γ -羧基谷氨酸、和 O-磷酸丝氨酸。氨基酸同类物指和天然存在的氨基酸具有相同基础化学结构的化合物，即，一个与氢结合的 α 碳，一个羧基、一个氨基和一个 R 基团，例如同丝氨酸、正亮氨酸、甲硫氨酸亚砷、甲硫氨酸甲基硫。这些同类物具有修饰的 R 基团(如正亮氨酸)或修饰的肽骨架，但保留天然存在的氨基酸的相同基础化学结构。氨基酸模拟物指具有和氨基酸的一般化学结构不同的结构，但功能与天然存在的氨基酸相似的化合物。

本文的氨基酸可用它们的公知三字母符号或用 IUPAC-IUB 生物化学命名委员会推荐的单字母符号相称。同样，核苷酸可用它们普遍接受的单字母密码相称。

“保守性修饰变体”同时用于氨基酸和核酸序列。对于特定核酸序列，保守性修饰变体指那些编码相同或基本相同的氨基酸序列的核酸，或其中核酸不编码基本相同序列的一个氨基酸序列。由于遗传密码的简并性，许多功能相同的核酸编码了一给定的蛋白质。例如，密码子 GCA，GCC，GCG 和 GCU 都编码氨基酸丙氨酸。因此，在丙氨酸密码子的每一个位置，可将该密码子变成上述相应密码子的任何一个而不改变编码的多肽。这种核酸变化是“沉默变化”，它是一种保守性修饰变化。对本文编码多肽的每一核酸序列还描述了该核酸的每个可能的沉默变体。技术人员将认识到，核酸中的每个密码子(除了 AUG，它通常是甲硫氨酸的唯一密码子，和

TGG, 它是色氨酸的唯一密码子)可被修饰, 得到功能相同的分子。因此, 编码多肽的核酸中的每个沉默变体隐含在各所述序列中。

对于氨基酸序列, 技术人员将认识到对核酸、肽、多肽或蛋白质序列的单个取代、缺失或添加(在编码的序列中改变、添加或除去一个氨基酸或一小百分比的氨基酸)是“保守性修饰变体”, 其中改变的结果是用化学上相似的氨基酸取代氨基酸。提供功能相似的氨基酸的保守取代表是本领域熟知的。这类保守性修饰变化是补充, 而不排除本发明的多态变体、种间同系物、和等位基因。

下列 8 组各含有彼此可保守性取代的氨基酸:

- 1) 丙氨酸(A), 甘氨酸(G);
- 2) 天门冬氨酸(D), 谷氨酸(E);
- 3) 天门冬酰胺(N), 谷氨酰胺(Q);
- 4) 精氨酸(R), 赖氨酸(K);
- 5) 异亮氨酸(I), 亮氨酸(L), 甲硫氨酸(M), 缬氨酸(V);
- 6) 苯丙氨酸(P), 酪氨酸(Y), 色氨酸(W);
- 7) 丝氨酸(S), 苏氨酸(T); 和
- 8) 半胱氨酸(C), 甲硫氨酸(M)

(见例如, Creighton, *Proteins*(1984))。

多肽结构等大分子结构可用多种结构水平的术语描述。关于结构的一般描述, 见例如, Alberts 等, *Molecular Biology of the Cell*(第 3 版, 1994)和 Cantor 和 Schimmel, *Biophysical Chemistry* 第 I 部分: 生物大分子的构象(1980)。“一级结构”指某特定肽的氨基酸序列。“二级结构”指某肽中局部排序的三维结构。这些结构一般称为功能域。功能域是多肽的部分, 形成该多肽的紧密单元, 通常长 50-350 个氨基酸。典型的功能域是由较短的结构, 如 β -折叠和 α -螺旋伸展片段构成。“三级结构”指多肽单体的完整三维结构。“四级结构”指独立的三级单元非共价结合形成的三维结构。各向异性的术语也被称为能量术语。

“标记”或“可检测分子”指可被分光光度、光化学、生物化学、免疫化学或化学方法检测的组合物、例如, 有用的标记包括 ^{32}P 、荧光染料、电子密度试剂、酶(如 ELISA 中常用的)、生物素、毛地黄毒苷、或半抗原, 而且可通过在该肽中掺入放射性标记, 并检测与该肽特异性反应的抗体, 来检测蛋白质。

“标记的核酸探针或寡核苷酸”是共价通过接头或化学键、或非共价通过离子、范德华力、静电或氢键与标记结合的核酸探针或寡核苷酸, 从而可通过检测与

探针结合的标记的存在，来检测该探针的存在。

本文所用的“核酸探针或寡核苷酸”指能与互补序列的靶核酸通过一种或多种化学键，通常通过互补碱基形成氢键配对而结合的核酸。本文所用的探针可包括天然(即 A、G、C 或 T)或修饰碱基(7-脱氮鸟嘌呤、次黄嘌呤核苷等)。另外，探针内的碱基可通过除磷酸二酯键外的键连接，只要其不受杂交干扰。因此，例如探针可以是肽核酸，其中组成碱基通过肽键连接，而不是通过磷酸二酯键连接。本领域技术人员可理解，取决于杂交条件的严格度，探针可结合与序列不完全互补的靶序列。探针可任选的直接用放射性同位素、发色团、发光团、色原标记，或间接用生物素标记，然后与链霉亲和素复合物结合。通过检验探针的存在与否，可检测所选择序列或亚序列的存在与否。

当对细胞或核酸、蛋白或载体使用术语“重组”时，指该细胞、核酸、蛋白质或载体已通过引入异源核酸或蛋白，或改变天然核酸或蛋白质而被修饰，或该细胞衍生自如此修饰的细胞。因此例如，重组细胞表达了在细胞的天然(非重组)形式中未发现的基因，或异常表达、表达低下或根本不表达天然基因。

术语“异源”和核酸部分相关使用时，指该核酸含有的两个或多个亚序列，发现它们在自然情况下相互之间无相同关系。例如，通常重组产生的核酸具有两个或多个来自无关基因的序列，排列形成新的功能性核酸，如来自一种来源的启动子和来自另一种来源的编码区。类似的，异源蛋白质表明蛋白质含有两种或多种在天然情况下彼此无相同关系的亚序列(如融合蛋白)。

“启动子”定义为核酸控制序列的阵列，它直接转录一种核酸。本文所用的启动子包括转录起始位点附近的必需核酸序列，如就聚合酶 II 型启动子而言，是一 TATA 元件。启动子还可任选的包括远端增强子或抑制子元件，它们可位于距离转录起始位点多达几千个碱基对。“组成型”启动子是一种在大部分环境和发育条件下有活性的启动子。“可诱导”启动子是在环境或发育调控下活性的启动子。术语“可操纵连接”指核酸表达控制序列(如启动子，或转录因子结合位点的阵列)和第二核酸序列之间的功能性键连接，其中表达控制序列指导了对应于第二序列的核酸的转录。

“表达载体”是重组或合成产生的核酸构建体，具有一系列允许特定核酸在宿主细胞中转录的特定核酸元件。表达载体可以是质粒、病毒、或核酸片段的一部分。通常，表达载体包含与启动子可操纵性连接的待转录的核酸。

关于两种或多种核酸或多肽序列，术语“相同”或百分数“相同性”指两条

或多条序列或亚序列,当在比较窗口或指定区域上如用下列序列比较算法之一或手工排列和目测,比较并排列对比寻找最大对应性时它们是相同的,或具有特定百分比的相同氨基酸残基或核苷酸(即在一特定区域内有 50%相同性,可任选 55%、60%、65%、70%、75%、80%、85%、90%、95%或更高的相同性)。这样的序列称为“基本相同”。该定义还指对测试序列的评价。可任选的,相同性存在于至少长度为 50 个氨基酸和核苷酸的区域中,或更优选的存在于长度为 75-100 个氨基酸和核苷酸的区域中。

对于序列比较,通常将一条序列作为参照序列,与测试序列比较。当使用序列比较算法时,将测试序列和参照序列输入计算机,如需要,指定亚序列坐标,并指定序列算法程序参数。可使用默认程序参数,如下文的 BLASTN 和 BLASTP 程序所述的,或指定另外的参数。然后序列比较算法根据程序参数计算出测试序列相对于参照序列的序列相同性百分数。

本文所用的“比较窗”包括参比选自包含 20-600、一般约 50-200,更一般约 100-150 个毗邻位置数之一的片段,其中在将两条序列最佳排列后,可将一条序列和毗邻位置数相同的参比序列作比较。排列序列作比较的方法是本领域熟知的。可通过例如,Smith & Waterman, *Adv. Appl. Math.*, 2: 482(1981)的局部同源性算法,Needleman & Wunsch, *J. Mol. Biol.*, 48: 443(1970)的同源排列算法, Pearson & Lipman, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85: 2444(1988)的类似方法,这些算法的计算机化操作(Wisconsin Genetics Software Package 的 GAP, BESTFIT, FASTA, 和 TFASTA, Genetics Computer Group, 575 Science Dr., Madison, WI),或手工排列和目测(见例如分子生物学现有方案(Ausubel 等, 编 1995 增订))来进行序列的最佳排列,作比较。

一种适用于测定序列相同性百分数和序列相似性的算法例子是 BLAST 和 BLAST2.0 算法, Altschul 等, *Nuc. Acids Res.* 25: 3389-3402(1997)和 Altschul 等, *J. Mol. Biol.* 215: 403-410(1990)分别描述了它们。通过生物技术信息国家中心(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)公众可获得进行 BLAST 分析的软件。该算法包括首先通过鉴定查询序列中长度为 W 的字,以鉴定高评分的配对(HSP),当与数据库序列中同样长度的字排列对比时,匹配或满足某个正值的阈评分 T。T 称为相邻字评分阈值(Altschul 等, 见上)。找到这些起始的相邻字作为引发寻找含有它们的更长 HSP 的搜索的出发点。将找到的字沿着各序列双向延伸,直到能增加累计的排列对比评分。对于核苷酸序列,用参数 M(一对匹配残基的加分;总是>0)和 N(错

配残基的减分，总是 <0) 计算累计评分。对于氨基酸序列，用评分矩阵来计算累计评分。当：累计的排列对比评分从其最大达到值处下落数量 X ；由于一个或多个负评分残基排列对比的累计，该累计评分达到 0 或以下；或达到两序列之一的末端时，找到的字延伸被停止。BLAST 算法参数 W 、 T 和 X 确定了排列对比的灵敏度和速度。BLASTN 程序(用于核苷酸序列)用作默认值的句长(W)为 11，预期值(E)为 10， $M=5$ ， $N=-4$ ，比较两条链。对于氨基酸序列，BLASTP 程序用作默认值的句长为 3，预期值(E)为 10，和 BLOSUM62 评分矩阵(见 Henikoff & Henikoff, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:10915(1989))排列(B)为 50，预期值(E)为 10， $M=5$ ， $N=-4$ ，并比较双链。

另一种有用算法的例子是 PILEUP。PILEUP 创立了一组相关序列的多条序列排列，使用推进的、成对排列对比来显示相互关系和序列相同性百分数。它还绘出了树状图或枝状图来显示用于建立排列对比的分类归并关系。PILEUP 使用 Feng & Doolittle, *J. Mol. Evol.* 35: 351-360(1987)的推进排列方法的简化形式。使用的方法和 Higgins & Sharp, CABIOS 5: 151-153(1989)描述的方法相似。该程序可排列多达 300 条序列，各自最大长度为 5,000 个核苷酸或氨基酸。该多重排列程序始于两条最相似序列的成对排列对比，产生一个两条排列序列的组。然后将该组和下一条最相关的序列或排列序列的组排列对比。通过简单延伸两条独立序列的配对排列，对两组序列进行排列对比。通过一系列推进的成对排列来实现最终的排列对比。通过指定特定序列及其与序列比较区域同等的氨基酸或核苷酸，并指定程序参数来运行该程序。使用 PILEUP，将参照序列和其它测试序列作比较，用下列参数测定序列相同性百分数：默认缺口加权值(3.00)、默认缺口长度加权值(0.10)、和加权的末端缺口。PILEUP 可从 GCG 序列分析软件包，如 7.0 版(Devereaux 等, *Nuc. Acids Res.* 12: 387-395(1984))获得。

两条核酸序列或多肽基本相同的指标是，第一条核酸编码的多肽与针对第二条核酸编码的多肽产生的抗体发生免疫性交叉反应(如下所述)。因此，如果两条肽仅在保守取代上有不同，该多肽通常与第二条多肽基本相同。另一个两条核酸序列基本相同的指示是两个分子或其互补分子在严格条件下相互杂交(如下所述)。而另一个两条核酸序列基本相同的指示是可用同样的引物扩增该序列。

词组“与...选择性(或特异性)杂交”指当某序列存在于复杂混合物中(如总细胞或文库 DNA 或 RNA)时，该分子仅和特定的核苷酸序列在严格条件下结合、形成双体或杂交。

词组“严格杂交条件”指在该条件下，通常在核酸的复杂混合物中，一种探

针将与其靶亚序列杂交，但不和其它序列杂交。严格条件是序列依赖性的，而且视不同环境而不同。越长的序列在越高的温度下特异性杂交。在 Tijssen, 生物化学和分子生物学技术与核酸探针杂交, “杂交原理纵览和核酸试验策略”(1993)中可找到核酸杂交的一般指南。一般, 所选的严格条件比在限定离子强度的 pH 下, 特定序列的热解链温度(T_m)低约 5-10°C。 T_m 是在平衡时, 有 50%与靶互补的探针与靶序列杂交的(特定离子浓度、pH 和核酸的浓度下)温度(当靶序列过量, 在 T_m 下平衡时 50%探针被使用)。严格条件将是盐浓度小于约 1.0M 钠离子, 通常约 0.01-1.0M 钠离子浓度(或其它盐), pH7.0-8.3, 对于短探针(如 10-50 个核苷酸)温度至少约 30°C, 和对于长探针(如 50 个核苷酸以上)至少约 60°C的条件。可加入去稳定剂, 如甲酰胺来达到严格条件。对于选择性或特异性杂交, 阳性信号是至少两倍于背景, 可任选 10 倍于背景杂交。示范性严格条件可如下: 50%甲酰胺, 5xSSC, 和 1%SDS, 42°C培育, 或 5x SSC, 1%SDS, 65°C培育, 用 0.2xSSC 和 0.1%SDS 65°C洗涤。这些杂交和洗涤步骤可以在例如 1、2、5、10、15、30、60 或更多时间内进行。

如果核酸编码的肽基本相同, 在严格条件下不互相杂交的核酸仍是基本相同的。例如这发生在当用基因密码允许的最大密码子简并性建立核酸拷贝时。对此, 核酸通常在中等严格杂交条件下杂交。示范性“中等严格杂交条件”包括在 40%甲酰胺、1M NaCl、1%SDS 的缓冲液中 37°C杂交, 并以 1xSSC 45°C洗涤。该杂交和洗涤步骤可进行 1、2、5、10、15、30、60 或更多分钟。阳性杂交是至少背景的两倍。本领域普通技术人员将轻易认识到, 可用其它杂交和洗涤条件来提供严格性相似的条件。

“抗体”指含有免疫球蛋白基因编码的框架区的多肽或其片段, 其能特异性结合并识别一种抗原。已知的免疫球蛋白基因包括 κ 、 λ 、 α 、 γ 、 δ 、 ϵ 和 μ 恒定区基因, 以及无数免疫球蛋白可变区基因。轻链分类为 κ 或 λ 。重链分类为 γ 、 μ 、 α 、 δ 或 ϵ , 其进而分别定义为免疫球蛋白, IgG、IgM、IgA、IgD 和 IgE 类。

典型的免疫球蛋白(抗体)的结构单元是四聚体。各四聚体由相同的两对多肽链构成, 每对具有一条“轻”链(约 25kDa)和一条“重”链(约 50-70kDa)。每条链的 N-末端定义为约 100-110 或以上的氨基酸的可变区, 主要负责抗原识别。术语可变轻链(V_L)和可变重链(V_H)分别指这些轻链和重链。

抗体可以完整的免疫球蛋白或各种肽酶消化产生的, 特性明确的片段存在。因此, 例如胃蛋白酶在铰链区二硫键下方消化抗体, 产生 $F(ab)'_2$, 一种 Fab 的二聚物, 它自身是一条通过二硫键与 V_H -C_{H1} 结合的轻链。 $F(ab)'_2$ 可在温和条件下还

原而打断铰链区中的二硫键，从而将 $F(ab)'_2$ 二聚物转化成 Fab' 单体。 Fab' 单体本质上是带有部分铰链区的 Fab (见 *Fundamental Immunology* (Paul 编，第三版，1993))。虽然各种抗体片段被定义为完整抗体的消化物，本领域技术人员将理解，这些片段可用化学方法或用重组 DNA 方法合成。因此，本文使用的术语抗体还包括，修饰完整抗体产生的，或用重组 DNA 方法(如单链 Fv) 从头合成的，或用噬菌体展示文库鉴定的抗体片段(见例如，McCafferty 等，*Nature* 348: 552-554(1990))。

为了制备单克隆或多克隆抗体，可使用任何本领域已知的技术(见例如，Kohler & Milstein, *Nature* 256: 495-497(1975); Kozbor 等，*Immunology Today* 4: 72(1983); Cole 等，*Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy* 77-96 页(1985))。可使用产生单链抗体的技术(美国专利 4, 946, 778)，来产生抗本发明多肽的抗体。还可利用转基因小鼠，或其它生物体，如其它哺乳动物来表达人源化抗体。另外，可用噬菌体展示技术来鉴定能与所选抗原特异性结合的抗体和异聚 Fab 片段(见例如 McCafferty 等，*Nature* 348: 552-554(1990); Marks 等，*Biotechnology* 10: 779-783(1992))。

“嵌合抗体”是一种抗体分子，其中(a)恒定区或其部分被改变、置换或交换，使抗原结合位点(可变区)与不同的或另一类抗体的有效效应器功能的和/或动物的恒定区连接，或与赋予嵌合抗体新性能的完全不同的分子，如酶、毒素、激素、生长因子、药物等连接；或(b)用具有不同的或抗原特异性改变的可变区来改变、置换或交换其可变区或其部分。

“抗-T2R”抗体是能与 T2R 基因、cDNA、或其亚序列编码的多肽特异性结合的抗体或抗体片段。

术语“免疫试验”是用抗体与抗原特异性结合的试验。免疫试验的特征是用特定抗体的特异性结合性能来分离、靶向、和/或定量测定抗原。

当指蛋白质或肽时，词组“特异性(或选择性)结合”于抗体或“与抗体起特异性(或选择性)免疫反应”指一种结合反应，其对于蛋白质或其它生物制剂的异质性群体中该蛋白质的存在有确定作用。因此，在指定的免疫试验条件下，特定抗体与一特定蛋白质的结合至少是背景的两倍，而且和样品中存在的其它蛋白质基本上不以显著量结合。在这种条件下与抗体特异性结合需要选出一种抗体，其对与具体蛋白质有特异性。例如，可选用特殊动物，如大鼠、小鼠或人产生的抗 T2R 家族成员的多克隆抗体，来获得只与 T2R 蛋白质或其免疫原性部分有特异性免疫反应性，但不和其它蛋白质(除了 T2R 蛋白的直向同源物或多态变体和等位基因)起反应的

多克隆抗体。可通过除去与来自其它物种的 T2R 分子或其它 T2R 分子起交叉反应的抗体, 来实现该选择。还可选择仅识别 T2R GPCR 家族成员, 但不识别其它家族的 GPCR 的抗体。可用各种形式免疫试验选择能与特定蛋白质特异性免疫反应的抗体。例如, 常规使用固相 ELISA 免疫试验选择能与蛋白质起特异性免疫反应的抗体(见例如, Harlow & Lane, *Antibodies, A Laboratory Manual* (1988), 对用于测定特异免疫反应性的免疫试验形式和条件的描述)。通常特异性或选择性反应将至少是背景信号或噪声的两倍, 更通常是背景的 10-100 倍。

在一个实施例中, 可用对应于 SEQ ID NO:166-171 的免疫原性结构域产生与 T2R 家族的多肽特异性结合的抗体。

词组“与...选择性结合”指一核酸与以上定义的另一核酸“选择性杂交”的能力, 或一抗体与以上定义的一种蛋白质“选择性(或特异性)结合”的能力。

“宿主细胞”意味着含有一表达载体并支持该表达载体复制或表达的细胞。宿主细胞可以是大肠杆菌等原核细胞, 或真核细胞, 例如酵母、昆虫、两栖类或 CHO、HeLa、HEK-293 等哺乳动物细胞, 如培养的细胞、外植体和体内细胞。

III. 编码 T2R 家族成员的核酸的分离

A. 一般重组 DNA 方法

本发明依据重组遗传学领域中的常规技术。公开本发明所用一般方法的基础文章包括 Sambrook 等, *Molecular Cloning, A Laboratory Manual* (第二版, 1989); Kriegler, *Gene Transfer and Expression: A Laboratory Manual* (1990); 和 *Current Protocols in Molecular Biology* (Ausubel 等编, 1994)。

对于核酸, 以千碱基(kb)或碱基对(bp)给出了大小。这些是从琼脂糖或丙烯酰胺凝胶电泳, 从测序的核酸, 或从出版的 DNA 序列估计得到的。对于蛋白质, 以千道尔顿(kDa)或氨基酸残基数给出了大小。可从凝胶电泳, 从测序的蛋白质, 从衍生的氨基酸序列, 或从出版的蛋白质序列估计蛋白质大小。

不能商品购得的寡核苷酸可根据 Beaucage & Caruthers, *Tetrahedron Letts.* 22: 1859-1862(1981)首选描述的固相亚磷酰胺三酯方法, 使用自动合成仪, 如 Van Devanter 等, *Nucleic Acids Res.*, 12: 6159-6168(1984)所述来化学合成。寡核苷酸的纯化可采用天然丙烯酰胺凝胶电泳或 Pearson & Reanier, *J. Chrom* 255:137-149(1983)所述的阴离子交换 HPLC。

克隆后, 可用例如 Wallace 等, *Gene* 16: 21-26(1981)的用于测序双链模板的链终止方法验证克隆的基因和合成的寡核苷酸序列。

B. 分离编码 T2R 家族成员核苷酸序列的克隆方法。

一般从 cDNA 和基因组 DNA 文库，通过和探针杂交来克隆，或用寡核苷酸探针通过扩增技术来分离编码 T2R 家族成员的核酸序列和相关核酸序列同系物。例如，通常从哺乳动物核酸(基因组或 cDNA)文库，和核酸探针(其序列可衍生自 SEQ ID NO: 2、SEQ ID NO: 4、SEQ ID NO: 6、SEQ ID NO: 8、SEQ ID NO: 10、SEQ ID NO: 12、SEQ ID NO: 14、SEQ ID NO: 16、SEQ ID NO: 18、SEQ ID NO: 20、SEQ ID NO: 23、SEQ ID NO: 25、SEQ ID NO: 27、SEQ ID NO: 29、SEQ ID NO: 31、SEQ ID NO: 34、SEQ ID NO: 36、SEQ ID NO: 38、SEQ ID NO: 41、SEQ ID NO: 43、SEQ ID NO: 45、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 52、SEQ ID NO: 54、SEQ ID NO: 57、SEQ ID NO: 61、SEQ ID NO: 63、SEQ ID NO: 78、SEQ ID NO: 80、SEQ ID NO: 82、SEQ ID NO: 84、SEQ ID NO: 86、SEQ ID NO: 88、SEQ ID NO: 90、SEQ ID NO: 92、SEQ ID NO: 94、SEQ ID NO: 96、SEQ ID NO: 98、SEQ ID NO: 100、SEQ ID NO: 102、SEQ ID NO: 104、SEQ ID NO: 106、SEQ ID NO: 108、SEQ ID NO: 110、SEQ ID NO: 112、SEQ ID NO: 114、SEQ ID NO: 116、SEQ ID NO: 118、SEQ ID NO: 120、SEQ ID NO: 122、SEQ ID NO: 124、SEQ ID NO: 126、SEQ ID NO: 128、SEQ ID NO: 130、SEQ ID NO: 132、SEQ ID NO: 134、SEQ ID NO: 136、SEQ ID NO: 138、SEQ ID NO: 140、SEQ ID NO: 142、SEQ ID NO: 144、SEQ ID NO: 146、SEQ ID NO: 148、SEQ ID NO: 150、SEQ ID NO: 152、SEQ ID NO: 154、SEQ ID NO: 156、SEQ ID NO: 157、SEQ ID NO: 159、SEQ ID NO: 161、SEQ ID NO: 163 或 SEQ ID NO: 165)杂交，来分离 T2R 序列。可分离得到 T2R 家族成员的 RNA 和 cDNA 的合适组织是舌组织，可任选味蕾组织或单个味觉细胞。

还可用使用引物的扩增技术，从 DNA 或 RNA 扩增并分离 T2R 序列。还可用编码下列氨基酸序列的简并引物扩增 T2R 基因的序列：SEQ ID NO: 166、167、168、169、170 或 171 (见例如，Dieffenbach & Dveksler, PCR Primer: A Laboratory Manual (1995))。可用这些引物来扩增全长序列或一到数百个核苷酸的探针，然后可用其筛选哺乳动物文库中的全长 T2R 克隆。如上所述，可用这些探针分离全长序列，或例如从文库分离用于分离全长序列的探针。

还可用抗体作为探针从表达文库中分离编码 T2R 的核酸。可用 SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、

SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75、SEQ ID NO: 76、SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 或 SEQ ID NO: 164 的序列来产生这类多克隆和单克隆抗体。

可用 T2R 核酸探针和寡核苷酸在严格条件下，通过筛选文库来分离与 T2R 家族成员基本相同的多态变体、等位基因和种间同系物。另外，可用表达文库通过检测表达的同系物(其能和针对 T2R 多肽制备的抗血清或纯化的抗体(它们也识别并与 T2R 同系物选择性结合)起免疫反应)，来克隆 T2R 家族成员和 T2R 家族成员的多态变体、等位基因和种间同系物。

为了制备 cDNA 文库，应选择富含 T2R mRNA 的来源，如舌组织或分离的味蕾。然后用反转录酶将 mRNA 变成 cDNA，连接入重组载体，转染入重组宿主来增殖、筛选并克隆。制备和筛选 cDNA 的方法是熟知的(见例如，Gubler & Hoffmann, Gene 25: 263-269(1983); Sambrook 等，见上; Ausubel 等，见上)。

对于基因组文库，从组织中抽提 DNA，机械剪切或用酶消化，得到约 12-20kb 的片段。然后用梯度离心将该片段与不需要的片段分开，构建入 λ 噬菌体载体。体外包装这些载体和噬菌体。用 Benton & Davis, Science 196: 180-182(1977)所述的噬斑杂交分析重组噬菌体。如 Grunstein 等, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 72: 3961-3965(1975)中所述进行集落杂交。

另一种分离 T2R 核酸及其同系物的方法,联合使用合成的寡核苷酸引物和 RNA 或 DNA 模板扩增(见美国专利 4,683,195 和 4,683,202; PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications(Innis 等编,1990))。可用聚合酶链式反应(PCR)和连接酶链式反应(LCR)直接从 mRNA、cDNA、基因组文库或 cDNA 文库扩增 T2R 基因的核酸序列。可设计简并寡核苷酸用本文提供的序列扩增 T2R 家族成员的同系物。可将限制性内切酶位点掺入引物,聚合酶链式反应或其它体外扩增的方法也可用来,例如,克隆编码待表达蛋白质的核酸序列,来制备核酸,用作检测生理学样品中编码 T2R 的 mRNA 的存在与否,用于核酸测序或其它目的。可从琼脂糖凝胶中纯化 PCR 反应扩增的基因,并克隆入合适的载体。

还可使用本领域已知的技术,如反转录和 mRNA 扩增,总 RNA 或 poly A⁺RNA 分离, RNA 印迹法、斑点印迹法、原位杂交、RNase 保护、探测 DNA 微芯片阵列等,来分析 T2R 家族成员基因的表达。在一个实施例中,用高密度寡核苷酸分析技术(如 GeneChip™)来鉴定本发明 GPCR 的同系物和多态变体。就被鉴定的同系物与已知疾病的联系而言,可用它们和 GeneChip™作为诊断工具,来检测生物学样品中的疾病,见例如, Gunthand 等, AIDS Res. Hum. Retroviruses 14: 869-876(1998); Kozal 等, Nat. Med. 2: 753-759(1996); Matson 等, Anal. Biochem. 224: 110-106(1995); Lockhart 等, Nat. Biotechnol. 14: 1675-1680(1996); Gingeras 等, Genome Res. 8: 435-448(1998); Hacia 等, Nucleic Acids. Res. 26: 3865-3866(1998)。

可用合成的寡核苷酸构建重组 T2R 基因,用作探针或表达蛋白质。用一系列重叠寡核苷酸,一般长 40-120bp,代表基因的有义和反义链来进行该方法。然后将这些 DNA 片段退火、连接并克隆。另外,可用扩增技术和精密引物来扩增 T2R 核酸的特定亚序列。然后将该特异性亚序列连接入表达载体。

通常在转化入原核或真核细胞中,用于复制和/或表达前,将编码 T2R 基因的核酸克隆入中间载体。这些中间载体通常是原核载体,如质粒或穿梭载体。

可任选的,根据标准技术制备编码含有 T2R 多肽或其结构域的嵌合蛋白质的核酸。例如,可将配体结合域等功能域、胞外功能域、跨膜功能域(如含有 7 个跨膜区域和对应的胞外和胞质环)、跨膜功能域和细胞质功能域、活性位点、亚基结合区域等与异源蛋白质共价连接。例如,可将胞外功能域与异源 GPCR 跨膜功能域连接,或异源 GPCR 胞外功能域可与跨膜功能域连接。其它所选异源蛋白质包括例如,绿色荧光蛋白质, β -半乳糖苷酶、谷氨酸受体和视紫红质前序列。

C. 原核细胞和真核细胞中的表达

为了获得一克隆的基因或核苷酸,如编码 T2R 家族成员的 cDNA 的高水平表达,通常将 T2R 序列亚克隆入含有指导转录的强启动子、转录/翻译终止子,和(如果核酸编码蛋白)引发翻译的核糖体结合位点的表达载体。合适的细菌启动子是本领域熟知的,而且在 Sambrook 等和 Ausubel 等中有所描述。表达 T2R 蛋白质的细菌表达系统是在如大肠杆菌,芽胞杆菌亚种和沙门氏菌中可得到的(Palva 等, Gene 22: 229-235(1983); Mosbach 等, Nature 302: 543-545(1983))。这些表达系统的试剂盒是可商业购得的。哺乳动物细胞、酵母和昆虫细胞的真核表达系统是本领域熟知的,而且也可商业购得。在一个实施例中,真核表达载体是腺病毒载体,一种腺伴随病毒载体或反转录病毒载体。

用来指导异源核酸表达的启动子由特定用途决定。可将启动子置于距离异源转录起始位点与离其天然位置中转录起始位点相同部位。然而如本领域已知,该距离可容纳一些变化,而启动子功能不丧失。

除了启动子,通常表达载体还含有一种转录单元或表达盒,其含有编码 T2R 的核酸在宿主细胞中表达所需的所有其它元件。因此,典型的表达盒含有与编码 T2R 的核酸序列可操纵性连接的启动子,和转录物有效聚腺苷酸化,核糖体结合位点,和翻译终止所需的信号。编码 T2R 的核酸序列通常与可切割信号肽序列连接,以促进转化细胞分泌编码蛋白质。这些信号肽将包括:组织纤维蛋白溶酶原激活物、胰岛素和神经生长因子、和烟芽夜蛾(*Heliothis virescens*)的保幼激素酯酶的信号肽。其它盒元件可包括增强子,和(如果用基因组 DNA 作为结构基因)带有功能性剪接供体和受体位点的内含子。

除了启动子序列,表达盒还应含有在结构基因下游的转录终止区,以提供有效终止。可从启动子序列的相同基因或从不同基因获得该终止区。

用来将遗传信息转运入细胞的特定表达载体不是特别关键的。可用任何用于在真核或原核细胞中表达的常规载体。标准的细菌表达载体包括质粒,如 pBR322 为基础的质粒、pSKF、pET23D 和融合表达系统,如 GST 和 LacZ。还可将表位标记加到重组蛋白质中,以提供便利的分离方法,如 c-myc。

通常在真核表达载体,如 SV40 载体、乳头瘤病毒载体,和衍生自 Epstein-Barr 病毒的载体中使用真核病毒的,含有调控元件的表达载体。其它示范性真核载体包括: pMSG、pAV009/A⁺、pMT010/A⁺、pMAMneo-5、杆状病毒 pDSVE、和其它使蛋白质在 SV40 早启动子、SV40 晚启动子、金属硫蛋白启动子、小鼠乳腺肿瘤病毒启动子、

Rous 肉瘤病毒启动子、多角体启动子或其它在真核细胞中显示表达效果的启动子的指导下，使蛋白表达的载体。

某些表达系统含有提供基因扩增的标记，如胸腺嘧啶激酶、潮霉素 B 磷酸转移酶和二氢叶酸还原酶。另外，与基因扩增无关的高产量表达系统也是适合的，如在昆虫细胞中使用杆状病毒载体，和在多角体启动子或其它强杆状病毒启动子指导下的编码 T2R 家族成员的序列。

通常包含于表达载体中的元件还包括在大肠杆菌中起作用的复制子、能选择含有重组质粒的细菌的编码抗生素抗性的基因、和质粒非必需区中能插入真核序列的独特限制性位点。所选的特定抗生素抗性基因不是关键的，许多本领域已知的抗性基因中的任一种都是适合的。可选择原核序列，如需要，使它们不干涉 DNA 在真核细胞中的复制。

用标准转染方法来产生表达大量 T2R 蛋白质(其然后可用标准技术纯化)的细菌、哺乳动物、酵母或昆虫细胞系(见例如，Colley 等，J. Biol. Chem., 264: 17619-17622(1989); *Guide to Protein Purification, in Methods in Enzymology*, 182 卷(Deutscher 编, 1990))。根据标准技术进行真核和原核细胞的转化(见例如，Morrison, J. Bact. 132: 349-351(1977); Clark-Curtiss & Curtiss, *Methods in Enzymology* 101: 347-362(Wu 等编, 1983))。

可使用任何将外源核苷酸引入宿主细胞的熟知程序。这些包括使用磷酸钙转染、Polybrene，原生质体融合、电穿孔、脂质体、显微注射、血浆载体、病毒载体和其它用于将克隆的基因组 DNA、cDNA、合成 DNA 或其它外源遗传材料引入宿主细胞的熟知方法(见例如，Sambrook 等，见上)。只是需要所用的特定基因工程程序能将至少一个基因成功引入能表达 T2R 基因的宿主细胞。

在一个优选例中，例如，用 pEAK10 哺乳动物表达载体(Edge Biosystems, MD)编码 T2R 的多核苷酸与 EF-1 α 启动子可操纵性连接。这可用任何标准方法，如用 LipofectAMINE(Lifetechnologies)将这些载体引入细胞，如 HEK-293 细胞。

表达载体被引入细胞后，在适合表达 T2R 家族成员的条件下培养转染细胞，用下文所述的标准技术从培养物中回收。

IV. T2R 多肽的纯化

可纯化天然存在或重组的 T2R 多肽，用于功能性试验。可任选的纯化重组的 T2R 多肽。从哺乳动物组织，如舌组织，或其它 T2R 同系物来源中纯化天然存在的 T2R 多肽。从任何合适细菌或真核表达系统，如 CHO 细胞或昆虫细胞中纯化重组 T2R

多肽。

可用标准技术，包括用硫酸铵等物质选择性沉淀；柱层析；免疫纯化方法等将 T2R 蛋白纯化至基本纯（见例如，Scopes, *Protein Purification: Principal and Practice* (1982)；美国专利号 4, 673, 641；Ausubel 等，见上；和 Sambrook，见上）。

当纯化重组 T2R 家族成员时，可使用许多程序。例如，可将具有分子粘合性能的蛋白质与 T2R 多肽可逆融合。用合适配体，可将 T2R 选择性吸附于纯化柱，然后以相对纯的形式从柱上脱离。然后可用酶作用除去融合的蛋白质。最后可用免疫亲和柱纯化 T2R 蛋白。

A. 从重组细胞中纯化 T2R 蛋白

通常在启动子诱导后，用转化的细菌或真核细胞，如 CHO 细胞或昆虫细胞大量表达重组蛋白质；但表达可以是组成性的。用 IPTG 启动子诱导是可诱导启动子系统的一个例子。按本领域标准程序培养细胞。用新鲜或冻结的细胞分离蛋白质。

在细菌中表达的蛋白可能形成可溶性积聚物（“包含体”）。几种方案适用于纯化 T2R 包含体。例如，包含体的纯化包括破坏细菌细胞，如通过在 50mM TRIS/HCl pH 7.5, 50mM NaCl, 5mM MgCl₂, 1mM DTT, 0.1 mM ATP, 和 1mM PMSF 的缓冲液中培育，抽提、分离和/或纯化包含体。可通过弗氏压碎器 2-3 次，裂解细胞悬液，用 Polyton (Brinkman Instruments) 或冰上超声进行匀浆。其它裂解细菌的方法本领域技术人员是清楚的（见例如，Sambrook 等，见上；Ausubel 等，见上）。

如需要，溶解包含体，通常离心裂解的细胞悬液，来除去不需要的不溶物。形成包含体的蛋白质可用兼容缓冲液稀释或透析复性。合适的溶剂包括但不限于：尿素（约 4M-8M）、甲酰胺（至少约 80% 体积/体积成分）和胍基盐酸（约 4M-8M）。能溶解形成的积聚蛋白质的某些溶剂，如 SDS（十二烷基磺酸钠），70% 甲酸在该程序中由于可能使蛋白质不可逆变性而伴有免疫原性和/或活性的缺乏，所以是不适合用于该程序的。虽然盐酸胍和相似的试剂是变性剂，但该变性不是不可逆的，而且可在除去（例如通过透析）或稀释变性剂后复性，重新形成免疫原性和/或生物学活性的蛋白质。其它合适的缓冲液是本领域技术人员已知的。可从其它细菌蛋白质中，通过标准分离技术，如 Ni-NTA 琼脂糖树脂分离 T2R 多肽。

另外，可从细菌周质中纯化 T2R 多肽。细菌裂解后，当 T2R 蛋白被输入到细菌周质中时，可通过冷低渗休克和其它本领域已知的技术来分离细菌的周质组分。为了从周质中分离重组蛋白质，离心细菌细胞，形成沉淀。将沉淀重新悬浮在含有

20%蔗糖的缓冲液中。为了裂解细胞,离心细菌,将沉淀重新悬浮在冰冷的 5mM MgSO_4 中,保存在冰浴中约 10 分钟。离心细胞悬液,倒出上清液并保存。可从宿主蛋白质中通过本领域技术人员熟知的标准分离技术分离出上清液中的重组蛋白质。

B. 纯化 T2R 多肽的标准蛋白质分离技术

溶解度分级

通常作为起始步骤,尤其如果蛋白质混合物是复杂的,初步盐分级可从感兴趣的重组蛋白中分离除去许多不需要的宿主细胞蛋白质(或衍生自细胞培养液的蛋白质)。在一个实施例中,该盐是硫酸铵。硫酸铵通过有效减少蛋白质混合物中的水量来沉淀蛋白质。然后依据其溶解度沉淀蛋白质。蛋白质的疏水性越强,它就更可能在较低的硫酸盐浓度下沉淀出来。典型的方案包括在蛋白质溶液中加入饱和硫酸铵,从而使得到的硫酸铵浓度在 20-30%之间。该浓度将沉淀最疏水的蛋白质。然后丢弃沉淀物(除非感兴趣的蛋白质是疏水的),在上清液中加入硫酸铵,至能沉淀感兴趣的蛋白质的浓度。然后将沉淀溶于缓冲液,如需要,通过透析或渗滤除去过量的盐。其它依靠蛋白质溶解度的方法,如冷乙醇沉淀,是本领域技术人员已知的,可用于级分复杂的蛋白质混合物。

大小差异性过滤

可利用 T2R 蛋白的分子量从更大或更小尺寸的蛋白质中,通过不同孔径的膜(例如 Amicon 或 Millipore 膜)超过滤分离该蛋白质。作为第一步,通过孔径能截断比感兴趣的蛋白质分子量小的膜超滤该蛋白质混合物。然后通过孔径能截断比感兴趣的蛋白质分子量大的膜超滤上次超滤的保留物。重组蛋白质将穿过膜进入滤液。然后可如下层析滤液。

柱层析

可从其它蛋白质中,依据其大小、净表面电荷、疏水性、和对配体的亲和性分离 T2R 蛋白。另外,可将针对蛋白质产生的抗体与柱基质偶联,免疫纯化该蛋白质。所有这些方法都是本领域熟知的。技术人员清楚的是,可以任何规模,使用许多不同厂商(如 Pharmacia Biotech)的器具进行层析技术。

V. T2R 多肽的免疫学检测

除了用核酸杂交技术检测 T2R 基因和基因表达,还可用免疫试验法来检测 T2R,如鉴定味觉受体细胞,特别是苦味受体细胞,以及 T2R 家族成员的变体。可用免疫试验来定性或定量分析 T2R。可使用的技术的综述可见 Harlow & Lane, *Antibodies: A Laboratory Manual*(1988)。

A. T2R 家族成员的抗体

产生与 T2R 家族成员特异性反应的多克隆和单克隆抗体的方法是本领域技术人员已知的(见例如, Coligan, *Current Protocols in Immunology*(1991); Harlow & Lane, 见上; 和 Kohler & Milstein, *Nature* 256: 495-497(1975))。这些技术包括从噬菌体或类似载体中的重组抗体文库选择抗体, 以及免疫家兔或小鼠制备多克隆和单克隆抗体, 来制备抗体(见例如 Huse 等, *Science* 246: 1275-1281(1989); Ward 等, *Nature* 341: 544-546(1989))。

可用许多含有 T2R 的免疫原来产生与 T2R 家族成员特异性反应的抗体。例如, 如本文所述分离了重组 T2R 蛋白或其抗原性片段。合适的抗原性区域包括例如: 用于鉴定 T2R 家族成员的保守基序, 即 SEQ ID NO: 166、167、168、169、170 和 171。可如上所述在真核细胞或原核细胞中表达重组蛋白质, 并如上所述纯化。重组蛋白质是用于产生单克隆和多克隆抗体的免疫原的例子。另外, 衍生自本文公开的序列, 并与载体蛋白质偶联的合成肽可用作免疫原。还可使用天然存在的蛋白质, 无论纯或不纯的形式。然后将产物注射入能产生抗体的动物。可产生单克隆或多克隆的抗体, 随后用于免疫试验, 以测定该蛋白质。

产生多克隆抗体的方法是本领域技术人员已知的。用蛋白质和一种标准佐剂, 如 Freund's 佐剂, 和标准免疫方案免疫近交系小鼠(如 BALB/C 小鼠)或家兔。抽取测试血样, 并测定对 T2R 的反应性滴度, 监测动物对免疫原制备物的免疫应答。当获得对免疫原的合适的抗体高滴度时, 从动物收集血液, 并制备抗血清。如需要, 可进一步级分该抗血清, 来浓缩与该蛋白质起反应的抗体(见 Harlow & Lane, 见上)。

可通过各种与本领域技术人员相似的技术获得单克隆抗体。简单说, 无限增殖用所需抗原免疫的动物脾细胞(常通过与骨髓瘤细胞融合)(见 Kohler & Milstein, *Eur J. Immunol.* 6: 511-519(1976))。其它无限增殖的方法包括用 Epstein Barr 病毒、癌基因或反转录病毒转化或其它本领域熟知的方法。筛选从单个无限增殖细胞产生的集落, 以产生对抗原具有所需特异性和亲和性的抗体, 而且这些细胞产生的单克隆抗体产量可用各种技术增强, 包括注射入脊椎动物宿主的腹腔。另外, 可根据 Huse 等, *Science* 246: 1275-1281(1989)描述的通用方法, 从人 B 细胞中筛选 DNA 文库, 分离编码单克隆抗体或其结合片段的 DNA 序列。

在免疫试验中, 例如免疫原固定在固相载体上的固相免疫试验中收集单克隆抗体和多克隆血清, 滴定其对免疫原蛋白质的滴度。通常, 选择滴度为 10^4 或更大

的多克隆抗血清，并使用竞争性结合免疫试验测试其对非 T2R 蛋白质或甚至其它 T2R 家族成员，或其它生物的其他相关蛋白质的交叉反应性。特异性多克隆抗血清和单克隆抗体结合的 K_d 值一般至少约 0.1mM，更通常至少约 1 μ M，可任选至少约 0.1 μ M 或更低，或可任选 0.01 μ M 或更低。

一旦得到 T2R 家族成员特异性抗体，可通过各种免疫试验方法检测 T2R 蛋白。对于免疫学和免疫试验程序的综述，见基础和临床免疫学(Stites & Terr 编，第 7 版，1991)。另外，可用数种配置中的任一种进行本发明的免疫试验，在“酶免疫试验”一节中广泛描述(Maggio 编，1980)；和 Harlow & Lane，见上。

B. 免疫结合试验

可用许多熟知的免疫学结合试验来检测和定量测定 T2R 蛋白(见例如，美国专利 4,366,241；4,376,110；4,517,288；和 4,837,168)。对于一般免疫试验的综述，也见“细胞生物学方法：细胞生物学中的抗体”，37 卷(Asai 编，1993)；“基础和临床免疫学”(Stitler & Terr 编，第 7 版，1991)。免疫学结合试验(或免疫试验)通常使用与所选蛋白质或抗原特异性结合的抗体(就此 T2R 家族成员或其抗原性亚序列)。可通过许多本领域技术人员熟知的，或如上所述的方法产生该抗体(如抗 T2R)。

免疫试验也常用标记试剂，来特异性结合或标记抗体和抗原形成的复合物。标记试剂自身可以是含有抗体/抗原复合物的分子之一。因此，标记试剂可以是标记的 T2R 多肽，或标记的抗 T2R 抗体。另外，标记试剂可以是第三种分子，例如第二抗体，其与抗体/T2R 复合物特异性结合(第二抗体通常对产生第一抗体的动物的抗体是特异性的)。其它能与免疫球蛋白恒定区结合的蛋白质，如蛋白质 A 或蛋白质 G 也可用作标记试剂。这些蛋白质显示对不同动物的免疫球蛋白恒定区的非免疫性强反应性(见例如 Kronval 等，J. Immunol. 111: 1401-1406(1973)；Akerstrom 等，J. Immunol. 135: 2589-2542(1985))。可用可检测分子，如生物素(可与另一种分子特异性结合，如链霉亲和素)修饰标记试剂。各种可检测分子是本领域技术人员熟知的。

在试验中，在各试剂结合后可能需要培育和/或洗涤步骤。培育步骤可从 5 秒到数小时而不同，可任选从约 5 分钟到约 24 小时。然而，培育时间将由试验方案、抗原、溶液体积、浓度等决定。通常，试验将在环境温度下进行，虽然可在一定温度范围内进行，如 10°C 到 40°C。

非竞争性试验

检测样品中 T2R 蛋白的免疫试验可以是竞争性的或非竞争性的。非竞争性免疫试验是直接测量抗原量的试验。在一优选的“夹心”试验中，例如抗 T2R 抗体可与固相基质直接结合，固定在其上。然后这些固定化抗体可捕获存在于测试样品中的 T2R 蛋白。因此固定的 T2R 蛋白被标记剂，如带有标记的第二 T2R 抗体结合。另外，第二抗体可缺少标记，但它可以被标记的第三抗体结合，该第三抗体对产生第二抗体的动物的抗体是特异性的。第二或第三抗体通常被可检测分子，如生物素（另一种分子与其特异性结合，如链霉亲和素）修饰，来提供可检测分子。

竞争性试验

在竞争性试验中，测量已知加入的（外源）T2R 蛋白被样品中存在的未知 T2R 蛋白从抗 T2R 抗体上取代（竞争）的量，来间接测量样品中存在的 T2R 蛋白量。在一竞争性试验中，在一样品中加入已知量的 T2R 蛋白，然后使该样品与特异性结合 T2R 的抗体接触。与抗体结合的外源 T2R 蛋白量和样品中存在的 T2R 蛋白浓度成反比。在一实施例中，抗体被固定在固相基质上。与抗体结合的 T2R 蛋白量可通过测量在 T2R/抗体复合物中存在的 T2R 蛋白量，或通过测量剩余未复合的蛋白质量来确定。可提供标记的 T2R 分子来检测 T2R 蛋白量。

半抗原抑制试验是另一种竞争性试验。在该试验中，将已知的 T2R 固定在固相基质上。在样品中加入已知量的抗 T2R 抗体，然后使该样品与固定化的 T2R 接触。与已知固定化 T2R 蛋白结合的抗 T2R 抗体量，与样品中存在的 T2R 蛋白量成反比。另外，可通过检测抗体的固定化组分或剩余在溶液中的抗体组分来检测固定化抗体的量。抗体被标记时，检测可以是直接的，或随后加入与上述抗体特异性结合的分子间接检测。

交叉反应性决定簇

还可将竞争性结合形式中的免疫试验用于交叉反应性决定簇。例如，可将至少部分由 SEQ ID NO: 2、SEQ ID NO: 4、SEQ ID NO: 6、SEQ ID NO: 8、SEQ ID NO: 10、SEQ ID NO: 12、SEQ ID NO: 14、SEQ ID NO: 16、SEQ ID NO: 18、SEQ ID NO: 20、SEQ ID NO: 23、SEQ ID NO: 25、SEQ ID NO: 27、SEQ ID NO: 29、SEQ ID NO: 31、SEQ ID NO: 34、SEQ ID NO: 36、SEQ ID NO: 38、SEQ ID NO: 41、SEQ ID NO: 43、SEQ ID NO: 45、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 52、SEQ ID NO: 54、SEQ ID NO: 57、SEQ ID NO: 61、SEQ ID NO: 63、SEQ ID NO: 78、SEQ ID NO: 80、SEQ ID NO: 82、SEQ ID NO: 84、SEQ ID NO: 86、SEQ ID NO: 88、SEQ ID NO: 90、SEQ ID NO: 92、SEQ ID NO: 94、SEQ ID NO: 96、SEQ ID NO: 98、SEQ ID NO: 100、SEQ ID NO:

102、SEQ ID NO: 104、SEQ ID NO: 106、SEQ ID NO: 108、SEQ ID NO: 110、SEQ ID NO: 112、SEQ ID NO: 114、SEQ ID NO: 116、SEQ ID NO: 118、SEQ ID NO: 120、SEQ ID NO: 122、SEQ ID NO: 124、SEQ ID NO: 126、SEQ ID NO: 128、SEQ ID NO: 130、SEQ ID NO: 132、SEQ ID NO: 134、SEQ ID NO: 136、SEQ ID NO: 138、SEQ ID NO: 140、SEQ ID NO: 142、SEQ ID NO: 144、SEQ ID NO: 146、SEQ ID NO: 148、SEQ ID NO: 150、SEQ ID NO: 152、SEQ ID NO: 154、SEQ ID NO: 156、SEQ ID NO: 157、SEQ ID NO: 159、SEQ ID NO: 161、SEQ ID NO: 163 或 SEQ ID NO: 165 编码的蛋白质固定在固相载体上。在试验中加入与固定化抗原竞争结合抗血清的蛋白质(如 T2R 蛋白质和同源物)。比较加入的蛋白质与固定的蛋白质竞争结合抗血清的能力与 SEQ ID NO: 2、SEQ ID NO: 4、SEQ ID NO: 6、SEQ ID NO: 8、SEQ ID NO: 10、SEQ ID NO: 12、SEQ ID NO: 14、SEQ ID NO: 16、SEQ ID NO: 18、SEQ ID NO: 20、SEQ ID NO: 23、SEQ ID NO: 25、SEQ ID NO: 27、SEQ ID NO: 29、SEQ ID NO: 31、SEQ ID NO: 34、SEQ ID NO: 36、SEQ ID NO: 38、SEQ ID NO: 41、SEQ ID NO: 43、SEQ ID NO: 45、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 52、SEQ ID NO: 54、SEQ ID NO: 57、SEQ ID NO: 61、SEQ ID NO: 63、SEQ ID NO: 78、SEQ ID NO: 80、SEQ ID NO: 82、SEQ ID NO: 84、SEQ ID NO: 86、SEQ ID NO: 88、SEQ ID NO: 90、SEQ ID NO: 92、SEQ ID NO: 94、SEQ ID NO: 96、SEQ ID NO: 98、SEQ ID NO: 100、SEQ ID NO: 102、SEQ ID NO: 104、SEQ ID NO: 106、SEQ ID NO: 108、SEQ ID NO: 110、SEQ ID NO: 112、SEQ ID NO: 114、SEQ ID NO: 116、SEQ ID NO: 118、SEQ ID NO: 120、SEQ ID NO: 122、SEQ ID NO: 124、SEQ ID NO: 126、SEQ ID NO: 128、SEQ ID NO: 130、SEQ ID NO: 132、SEQ ID NO: 134、SEQ ID NO: 136、SEQ ID NO: 138、SEQ ID NO: 140、SEQ ID NO: 142、SEQ ID NO: 144、SEQ ID NO: 146、SEQ ID NO: 148、SEQ ID NO: 150、SEQ ID NO: 152、SEQ ID NO: 154、SEQ ID NO: 156、SEQ ID NO: 157、SEQ ID NO: 159、SEQ ID NO: 161、SEQ ID NO: 163 或 SEQ ID NO: 165 编码的 T2R 多肽与其自身竞争的能力。使用标准算法计算上述蛋白质的交叉反应性百分数。选择并合并与各种上述加入的蛋白质具有小于 10% 的交叉反应性的抗血清。可任选的通过加入所考虑的蛋白质(如远亲同系物)，来免疫吸附，以除去合并抗血清中的交叉反应抗体。另外，可在交叉反应性确定中，使用含有代表用于鉴定 T2R 家族成员的保守基序的氨基酸序列的肽，即 SEQ ID NO: 166、SEQ ID NO: 167、SEQ ID NO: 168、SEQ ID NO: 169、SEQ ID NO: 170 或 SEQ ID NO: 171。

然后将免疫吸附的合并抗血清用于上述竞争性结合免疫试验，来比较第二蛋

白质(考虑其可能是T2R家族成员的等位或多态变体)和免疫原蛋白质(即SEQ ID NO: 2、SEQ ID NO: 4、SEQ ID NO: 6、SEQ ID NO: 8、SEQ ID NO: 10、SEQ ID NO: 12、SEQ ID NO: 14、SEQ ID NO: 16、SEQ ID NO: 18、SEQ ID NO: 20、SEQ ID NO: 23、SEQ ID NO: 25、SEQ ID NO: 27、SEQ ID NO: 29、SEQ ID NO: 31、SEQ ID NO: 34、SEQ ID NO: 36、SEQ ID NO: 38、SEQ ID NO: 41、SEQ ID NO: 43、SEQ ID NO: 45、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 52、SEQ ID NO: 54、SEQ ID NO: 57、SEQ ID NO: 61、SEQ ID NO: 63、SEQ ID NO: 78、SEQ ID NO: 80、SEQ ID NO: 82、SEQ ID NO: 84、SEQ ID NO: 86、SEQ ID NO: 88、SEQ ID NO: 90、SEQ ID NO: 92、SEQ ID NO: 94、SEQ ID NO: 96、SEQ ID NO: 98、SEQ ID NO: 100、SEQ ID NO: 102、SEQ ID NO: 104、SEQ ID NO: 106、SEQ ID NO: 108、SEQ ID NO: 110、SEQ ID NO: 112、SEQ ID NO: 114、SEQ ID NO: 116、SEQ ID NO: 118、SEQ ID NO: 120、SEQ ID NO: 122、SEQ ID NO: 124、SEQ ID NO: 126、SEQ ID NO: 128、SEQ ID NO: 130、SEQ ID NO: 132、SEQ ID NO: 134、SEQ ID NO: 136、SEQ ID NO: 138、SEQ ID NO: 140、SEQ ID NO: 142、SEQ ID NO: 144、SEQ ID NO: 146、SEQ ID NO: 148、SEQ ID NO: 150、SEQ ID NO: 152、SEQ ID NO: 154、SEQ ID NO: 156、SEQ ID NO: 157、SEQ ID NO: 159、SEQ ID NO: 161、SEQ ID NO: 163 或 SEQ ID NO: 165 的 T2R 蛋白)。为了进行该比较,以广泛的浓度范围各检测了两种蛋白质,并确定抑制 50%抗血清与固定化蛋白质结合所需的各蛋白质量。如果抑制 50%结合所需的第二种蛋白质的量比 SEQ ID NO: 2、SEQ ID NO: 4、SEQ ID NO: 6、SEQ ID NO: 8、SEQ ID NO: 10、SEQ ID NO: 12、SEQ ID NO: 14、SEQ ID NO: 16、SEQ ID NO: 18、SEQ ID NO: 20、SEQ ID NO: 23、SEQ ID NO: 25、SEQ ID NO: 27、SEQ ID NO: 29、SEQ ID NO: 31、SEQ ID NO: 34、SEQ ID NO: 36、SEQ ID NO: 38、SEQ ID NO: 41、SEQ ID NO: 43、SEQ ID NO: 45、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 52、SEQ ID NO: 54、SEQ ID NO: 57、SEQ ID NO: 61、SEQ ID NO: 63、SEQ ID NO: 78、SEQ ID NO: 80、SEQ ID NO: 82、SEQ ID NO: 84、SEQ ID NO: 86、SEQ ID NO: 88、SEQ ID NO: 90、SEQ ID NO: 92、SEQ ID NO: 94、SEQ ID NO: 96、SEQ ID NO: 98、SEQ ID NO: 100、SEQ ID NO: 102、SEQ ID NO: 104、SEQ ID NO: 106、SEQ ID NO: 108、SEQ ID NO: 110、SEQ ID NO: 112、SEQ ID NO: 114、SEQ ID NO: 116、SEQ ID NO: 118、SEQ ID NO: 120、SEQ ID NO: 122、SEQ ID NO: 124、SEQ ID NO: 126、SEQ ID NO: 128、SEQ ID NO: 130、SEQ ID NO: 132、SEQ ID NO: 134、SEQ ID NO: 136、SEQ ID NO: 138、SEQ ID NO: 140、SEQ ID NO: 142、SEQ ID NO: 144、SEQ ID NO: 146、SEQ ID NO: 148、SEQ

ID NO: 150、SEQ ID NO: 152、SEQ ID NO: 154、SEQ ID NO: 156、SEQ ID NO: 157、SEQ ID NO: 159、SEQ ID NO: 161、SEQ ID NO: 163 或 SEQ ID NO: 165 编码的蛋白质抑制 50%结合所需的量少 10 倍, 则说第二种蛋白质能与针对 T2R 免疫原产生的多克隆抗体特异性结合。

还可用于针对 SEQ ID NO:166-171 产生的抗体制备仅与 T2R 家族的 GPCR, 而不和其它家族的 GPCR 特异性结合的抗体。

可通过用其它 T2R 家族成员从交叉反应性抗体中扣除, 制备与 T2R 家族的特定成员(如 T2R01)特异性结合的多克隆抗体。可用类似方法制备物种特异性多克隆抗体。例如, 可从与直向同源序列, 如大鼠 T2R01 或小鼠 T2R19 交叉反应的抗体中扣除, 制备对人 T2R01 特异性的抗体。

其它试验形式

用蛋白质印迹(免疫印迹)分析检测并定量样品中 T2R 蛋白的存在。该技术一般包括用凝胶电泳根据分子量分离样品蛋白质, 将分离的蛋白质转移到合适固相载体(如硝酸纤维素滤膜、尼龙滤膜、或衍生的尼龙滤膜)上, 并孵育样品和与 T2R 蛋白特异性结合的抗体。抗 T2R 多肽抗体与固相载体上的 T2R 多肽特异性结合。这些抗体可直接标记或随后用标记抗体(如标记的绵羊抗小鼠抗体, 其与抗 T2R 抗体特异性结合)检测。

其它试验形式包括脂质体免疫试验(LIA), 它用设计的脂质体结合特异性分子(如抗体), 并释放包裹的试剂或标记物。然后根据标准技术检测释放的化学物质(见 Monroe 等, Amer. Clin. Prod. Rev. 5: 34-41(1986))。

非特异性结合的还原

本领域技术人员将理解, 常需要使免疫试验中非特异性结合最小化。特别是, 当试验涉及固定在固相基质上的抗原或抗体时, 需要使与基质的非特异性结合量最小化是理想的。减少这些非特异性结合的方法是本领域技术人员熟知的。通常该技术涉及用蛋白质组合物包被基质。具体说, 广泛使用牛血清清蛋白(BSA)、脱脂粉末状牛奶和明胶等蛋白质组合物, 而粉末状牛奶是最优选的。

标记

在试验中使用的特定标记或可检测基团不是本发明的关键部分, 只要它不显著影响试验中使用的抗体的特异性结合。可检测基团可以是任何具有可检测的物理或化学性能的材料。这些可检测标记已在免疫试验领域中良好开发, 而且, 一般这些方法中的大部分标记都可用于本发明。因此, 标记是分光光度、光化学、生物化

学、免疫化学、电子学、光学或化学方法可检测的任何组合物。本发明中可用的标记包括磁珠(如 DYNABEAD™)、荧光染料(如异硫氰酸荧光素、Texas red、罗丹明等)、放射性标记(如 ^3H 、 ^{125}I 、 ^{35}S 、 ^{14}C 或 ^{32}P)、酶(辣根过氧化物酶、碱性磷酸酶和其它 ELISA 中常用的酶)、和显色标记,如胶体金或着色玻璃或塑料珠(如聚苯乙烯、聚丙烯、乳胶等)。

根据本领域熟知的方法,可直接或间接将标记与所需试验成分偶联。如上所示,可使用各种各样的标记,选择标记由所需灵敏度、和化合物偶联的容易度、稳定性要求、可得仪器和处理准备而定。

常用间接方法来结合非放射性标记。通常配体分子(如生物素)与该分子共价结合。然后该配体与另一种分子(如链霉亲和素)结合,另一种分子本身可被检测或可与一种信号系统,如可检测的酶、荧光化合物或化学发光化合物共价结合。可将配体及其靶与识别 T2R 蛋白的抗体,或识别抗 T2R 的第二抗体适当联合使用。

可直接将分子与产生信号的化合物偶联,如与酶或荧光蛋白偶联。作为标记的感兴趣的酶主要是水解酶,特别是磷酸酯酶,酯酶和糖苷酶,氧化酶(oxidotase),特别是过氧化物酶。荧光化合物包括荧光黄及其衍生物,罗丹明及其衍生物,丹(磺)酰、伞形酮等。化学发光化合物包括荧光素和 2,3-二氢酞嗪二酮,如鲁米诺。关于可使用的各种标记或信号产生系统的综述,见美国专利号 4,391,904。

检测标记的方法是本领域技术人员熟知的。因此例如,当标记是放射性标记时,检测仪器包括闪烁计数器或放射性自显影中的照相胶片。当标记是荧光标记时,可用合适波长的光激发荧光色素,并检测产生的荧光来检测。荧光可以目测,通过感光胶片,用电子探测器如电荷偶联装置(CCD)或光电倍增管等。类似的,可提供合适的酶底物并检测产生的反应产物,来检测酶标记。最后,可观察与标记相关的颜色,来简单检测显色标记。因此,在各种测量尺试验中,偶联的金常呈粉红色,而各种偶联的珠呈珠的颜色。

一些试验不需要使用标记的组分。例如,可用凝集试验检测靶抗体的存在。就此而言,抗原包裹的颗粒被含有靶抗体的样品凝集。在该试验中,没有任何成分需要标记,可简单目测靶抗体的存在。

VI. T2R 家族成员的调节剂的试验

A. T2R 蛋白活性试验

T2R 家族成员及其等位和多态变体是参与味觉转导,如苦味转导的 G-蛋白质

偶联受体。可用不同的体外和体内试验评估 T2R 多肽的活性，来测定功能、化学和物理作用，如测量配体结合(如放射性配体结合)、第二信使(如 cAMP、cGMP、IP₃、DAG、或 Ca²⁺)、离子流、磷酸化水平、转录水平、神经递质水平等。另外，可用这些试验检测 T2R 家族成员的抑制物和激活物。调节剂还可以是 T2R 受体的遗传改变版本。这些味觉转导活性的调节剂可用来按要求改变味觉。

该试验的 T2R 蛋白通常选自具有 SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75、SEQ ID NO: 76、SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 或 SEQ ID NO: 164 的序列，或其保守性修饰的变体。

另外，试验用的 T2R 蛋白可衍生自真核生物，并包括具有与 SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、SEQ ID NO: 5、SEQ ID NO: 7、SEQ ID NO: 9、SEQ ID NO: 11、SEQ ID NO: 13、SEQ ID NO: 15、SEQ ID NO: 17、SEQ ID NO: 19、SEQ ID NO: 21、SEQ ID NO: 22、SEQ ID NO: 24、SEQ ID NO: 26、SEQ ID NO: 28、SEQ ID NO: 30、SEQ ID NO: 32、SEQ ID NO: 33、SEQ ID NO: 35、SEQ ID NO: 37、SEQ ID NO: 39、

SEQ ID NO: 40、SEQ ID NO: 42、SEQ ID NO: 44、SEQ ID NO: 46、SEQ ID NO: 47、SEQ ID NO: 48、SEQ ID NO: 49、SEQ ID NO: 50、SEQ ID NO: 51、SEQ ID NO: 53、SEQ ID NO: 55、SEQ ID NO: 56、SEQ ID NO: 58、SEQ ID NO: 59、SEQ ID NO: 60、SEQ ID NO: 62、SEQ ID NO: 64、SEQ ID NO: 65、SEQ ID NO: 66、SEQ ID NO: 67、SEQ ID NO: 68、SEQ ID NO: 69、SEQ ID NO: 70、SEQ ID NO: 71、SEQ ID NO: 72、SEQ ID NO: 73、SEQ ID NO: 74、SEQ ID NO: 75、SEQ ID NO: 76、SEQ ID NO: 77、SEQ ID NO: 79、SEQ ID NO: 81、SEQ ID NO: 83、SEQ ID NO: 85、SEQ ID NO: 87、SEQ ID NO: 89、SEQ ID NO: 91、SEQ ID NO: 93、SEQ ID NO: 95、SEQ ID NO: 97、SEQ ID NO: 99、SEQ ID NO: 101、SEQ ID NO: 103、SEQ ID NO: 105、SEQ ID NO: 107、SEQ ID NO: 109、SEQ ID NO: 111、SEQ ID NO: 113、SEQ ID NO: 115、SEQ ID NO: 117、SEQ ID NO: 119、SEQ ID NO: 121、SEQ ID NO: 123、SEQ ID NO: 125、SEQ ID NO: 127、SEQ ID NO: 129、SEQ ID NO: 131、SEQ ID NO: 133、SEQ ID NO: 135、SEQ ID NO: 137、SEQ ID NO: 139、SEQ ID NO: 141、SEQ ID NO: 143、SEQ ID NO: 145、SEQ ID NO: 147、SEQ ID NO: 149、SEQ ID NO: 151、SEQ ID NO: 153、SEQ ID NO: 155、SEQ ID NO: 158、SEQ ID NO: 160、SEQ ID NO: 162 或 SEQ ID NO: 164 的氨基酸序列相同性的氨基酸序列。一般氨基酸序列相同性是至少 60%，可任选至少 70%-85%，可任选至少 90-95%。可任选的，试验用的多肽可含有 T2R 蛋白的一个功能域，如胞外功能域、跨膜功能域、细胞质功能域、配体结合功能域、亚基结合功能域、活化位点等。T2R 蛋白或其功能域可与异源蛋白共价连接，产生用于本文所述试验的嵌合蛋白质。

可用上述 T2R 多肽，不论是重组的或天然的，测试 T2R 受体的调节剂。可以分离蛋白质，在细胞中表达，在衍生自细胞的膜中表达，在组织或动物中表达。例如，可使用舌切片、从舌上脱下的细胞，转化的细胞或膜。用本文所述的体外或体内试验之一检测调节。可在体外用可溶性或固态反应，用 T2R 受体的全长 T2R-GPCR 或嵌合分子(如胞外结构域或跨膜区域，或其组合)与异源信号转导结构域共价连接，或异源胞外结构域和/或跨膜区域与 T2R 受体的跨膜和/或胞质结构域共价连接来检测味觉转导。另外，可在体外可溶性或固态反应中使用感兴趣蛋白质的配体结合功能域来测定配体结合。在许多实施例中，将制备含有全部或部分 T2R 多肽，以及另一条促使 T2R 定位到膜的序列，如视紫红质，如视紫红质蛋白的 N-末端片段的嵌合受体。

可在溶液中、与固相结合的双层膜中，脂单层中，或在囊泡中测试与 T2R 蛋

白、结构域或嵌合蛋白质结合的配体。可用例如，分光光度特性的变化(荧光、吸光度、折射指数)水动力学(如形状)、色谱或溶解特性的变化测试调节剂的结合。

还可检测受体-G-蛋白相互反应。例如，可检测 G 蛋白与受体的结合或其从受体上的释放。例如，不存在 GTP 的情况下，活化剂将导致 G 蛋白(所有三个亚基)与受体形成紧密的复合物。可用上述不同方法检测该复合物。可修改这些试验，来搜索抑制剂。在 GTP 不存在时在受体和 G 蛋白中加入激活剂，形成紧密复合物，然后通过观察受体-G 蛋白复合物的解离来筛选抑制剂。GTP 存在下，G 蛋白 α 亚基从其它两个 G 蛋白亚基上释放可作为活化的指标。

在特定的优选例中，监测作为 T2R 受体激活的 T2R-gustducin 相互作用。如实施例 IX 所示，小鼠 T2R5 显示与 Gustducin 的强环己酰亚胺依赖性偶联。可用这种 T2R 受体的配体依赖性偶联作为标记，鉴定任何 T2R 家族成员的修饰物。

活化的或抑制的 G 蛋白将进而改变靶酶、通道和其它效应蛋白的性能。经典的例子是在视觉系统中转导素活化 cGMP 磷酸二酯酶。刺激性 G 蛋白活化腺嘌呤核苷酸环化酶，Gq 和其它同源 G 蛋白对磷脂酶的活化，和 Gi 与其它 G 蛋白对多种通道的调节。也可检测下游共有序列，如磷脂酶 C 产生二酰甘油和 IP₃，和进而 IP₃ 使钙迁移。

在一个优选例中，T2R 多肽在真核细胞中作为嵌合受体，与异源、嵌合体序列一起表达，该序列促使其成熟并靶向通过分泌途径。在一个优选例中，异源序列是视紫红质序列，如视紫红质的 N-末端片段。该嵌合 T2R 序列可在任何真核细胞，如 HEK-293 细胞中表达。优选细胞含有功能性 G 蛋白，如 G α 15，它可将嵌合受体与胞内信号途径偶联，或与信号传递蛋白，如磷脂酶 C β 偶联。这些嵌合受体在细胞中的激活可用任何标准方法检测，如通过检测细胞中 FURA-2 依赖性底物，检测胞内钙水平的改变。

活化的 GPCR 受体成为激酶的底物，激酶磷酸化受体的 C-端尾(以及其它可能的位点)。因此，激活剂将启动 ³²P 从 γ -标记的 GTP 向受体转移，这可用闪烁计数器测定。C-末端尾的磷酸化将启动视紫红质抑制蛋白样蛋白的结合，并将干扰 G-蛋白的结合。该激酶/视紫红质抑制蛋白通路在许多 GPCR 受体的脱敏中起了关键作用。例如，调节味觉受体保持活化持续时间的化合物，可被用作延长所需味道或切断不好味道的工具。关于 GPCR 信号转导和检验信号转导的方法的综述，见例如，*Methods in Enzymology*, 237 卷和 238 卷(1994)和 96 卷(1983); Bourne 等, *Nature* 10: 349: 117-27(1991); Bourne 等, *Nature* 348: 125-32(1990); Pitcher 等,

Annu. Rev. Biochem. 67: 653-92(1998)。

将用潜在的 T2R 蛋白抑制剂或激活剂处理的样品或试验, 与不含测试化合物的对照样品比较, 来检测调节的程度。对照样品(未用激活剂或抑制剂)被指定相对 T2R 活性值为 100。当与对照比较, T2R 活性值是约 90%, 可任选 50%, 可任选 25-0%时, 实现对 T2R 蛋白的抑制。当 T2R 活性值相对于对照是 110%, 可任选 150%, 200-500%, 或 1000-2000%时, 实现了对 T2R 蛋白的活化。

通过测定表达 T2R 蛋白的细胞或膜的极化(即电势)的变化, 来评估离子流的变化。一种测定细胞极化中的变化的方法是用电压钳和膜片钳技术, 如“细胞结合”模式, “外翻”模式, 和“全细胞”模式测量电流的变化(从而测量极化的变化)(见例如, Ackerman 等, *New Engl. J. Med.* 336: 1575-1595(1997))。用标准方法可方便的测定全细胞电流(见例如, Hamil 等, *Pflugers. Archiv.* 391: 85(1981))。其它已知试验包括: 放射性标记离子流试验和使用电压-敏感性染料的荧光试验(见例如 Vestergaard-Bogind 等, *J. Membrane Biol.* 88: 67-75(1988); Gonzales & Tsien, *Chem. Biol.* 4: 269-277(1997); Daniel 等, *J. Pharmacol. Meth.* 25: 185-193(1991); Holevinsky 等, *J. Membrane Biol.* 137: 59-70(1994))。一般要测试的化合物存在范围是 1pM 到 100mM。

可检测上述任一参数来测量测试化合物对该多肽功能的作用。可用任何合适的影响 GPCR 活性的生理学变化来评估测试化合物对本发明多肽的影响。当用完整细胞或动物测定功能性结果时, 还可测量不同作用, 如递质释放、激素释放、已知的和未确定特征的基因标记物(如 RNA 印迹)的转录变化, 细胞代谢的变化, 如细胞生长或 pH 的变化, 和胞内第二信使, 如 Ca^{2+} 、IP₃、cGMP 和 cAMP 的变化。

G 蛋白偶联受体的优选试验包括负载有离子或电压敏感性染料, 能报告受体活性的细胞。测定这些受体活性的试验还可使用已知的作为阴性或阳性对照的 G-蛋白偶联受体的刺激剂和拮抗剂, 来评估测试化合物的活性。在鉴定调节性化合物(如刺激剂、拮抗剂)的试验中, 细胞质离子水平或膜电压的变化将分别用离子敏感性指示剂或膜电压荧光指示剂监测。在可使用的离子敏感性指示剂和电压探针中, 可使用“分子探针 1997”目录中公开的那些。对于 G-蛋白偶联受体, 可在所选试验中使用混合 G-蛋白如 G α 15 和 G α 16(Wilkie 等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 88: 10049-10053(1991))。这些混合 G-蛋白能偶联大量受体。

受体活化通常引发随后的胞内活动, 如第二信使, 如 IP₃ 的增加, 其释放胞内钙离子的储藏。某些 G-蛋白偶联受体的活化通过磷脂酶 C-介导的磷脂酰肌醇的

水解, 刺激肌醇三磷酸(IP3)的形成(Berridge & Irvine, *Nature* 312: 315-21(1984))。IP3 进而刺激胞内钙离子储藏的释放。因此, 细胞质中钙离子水平的变化, 或第二信使水平, 如 IP3 的变化, 可用来评估 G-蛋白偶联受体的功能。表达这些 G-蛋白偶联受体的细胞可能是显示提高的细胞质钙水平, 是胞内钙储藏和离子通道活化产生的结果, 此时虽然不一定要在无钙缓冲液中进行这种试验, 但理想的是可在任选补充了 EGTA 等螯合剂的缓冲液中进行这些试验, 来甄别从内部储藏释放的钙产生的荧光反应。

其它试验可能涉及测定受体活性, 其当被活化时, 通过活化或抑制腺苷酸环化酶等酶, 导致胞内环化核苷酸, 如 cAMP 或 cGMP 水平的变化。存在环化核苷酸阀门离子通道, 如视杆光受体细胞通道和嗅神经元通道, 它们在与 cAMP 或 cGMP 结合活化后, 对阳离子是可通透的(见例如, Altenhofen 等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 88:9868-9872(1991)和 Dhallan 等, *Nature* 347: 184-187(1990))。就受体的活化导致环化核苷酸水平降低的情况而言, 优选使细胞暴露于能提高胞内环化核苷酸水平的试剂, 如毛喉素, 然后在试验的细胞中加入受体激活化合物。可用编码环化核苷酸阀门离子通道、GPCR 磷酸酶的 DNA 和编码(如某些谷氨酸受体、毒蝇碱性乙酰胆碱受体、多巴胺受体、血清紧张素受体等)受体(当被活化时, 导致胞质环化核苷酸水平的变化)的 DNA 共转染宿主细胞, 来制备用于该类试验的细胞。

在一个实施例中, 在具有将受体与磷脂酶 C 信号转导途径连接的混杂 G-蛋白的异源细胞中, 表达 T2R 基因, 测量了 T2R 蛋白活性(见 Offermanns & Simon, *J. Biol. Chem.* 270: 15175-15180(1995); 还见实施例 II)。可任选的细胞系是 HEK-293(它不天然表达 T2R 基因)而混杂 G-蛋白是 G α 15(Offermanns & Simon, 见上)。测量胞内 Ca²⁺水平的变化(该变化是对给予与 T2R 蛋白结合的分子, 调节了 T2R 信号转导途径的反应), 以检测味觉转导的调节。用荧光 Ca²⁺指示染料和荧光显影任选的测量了 Ca²⁺水平的变化。

在一实施例中, 可用免疫试验测量胞内 cAMP 或 cGMP 的变化。Offermann & Simon, *J. Biol. Chem.* 270: 15175-15180(1995)描述的方法可用来测定 cAMP 的水平。另外, 可用 Felley-Bosco 等, *Am. J. Resp. Cell and Mol. Biol.* 11: 159-164(1994)描述的方法测定 cGMP 的水平。另外, 美国专利 4, 115, 538 中描述了一种用于测量 cAMP 和/或 cGMP 的试剂盒, 在此引入以供参考。

在另一个实施例中, 可根据美国专利 5, 436, 128 分析磷脂酰肌醇(PI)的水解, 在此引入以供参考。简单说, 试验涉及用 ³H-肌醇标记细胞 48 小时或以上。

用测试化合物处理细胞 1 小时。溶解处理的细胞，用氯仿-甲醇-水抽提，然后用离子交换层析分离肌醇磷酸酯，并用闪烁计数定量。计算促效剂存在时的 cpm 与缓冲对照 cpm 的比值，确定刺激倍数。同样，计算拮抗剂存在时的 cpm 与缓冲液对照(可含可不含促效剂)cpm 的比值，确定抑制倍数。

在另一个实施例中，可测量转录水平，来评估测试化合物对信号转导的作用。使测试化合物与含有感兴趣的 T2R 蛋白的宿主细胞接触足够时间，来影响任何相互反应，然后测量基因表达的水平。可凭经验确定影响这种相互反应的时间量，如通过运行一段时间并测量作为时间的转录水平。可用任何本领域技术人员已知的合适方法测量转录量。例如，可用 RNA 印迹检测感兴趣的蛋白质的 mRNA 表达，或用免疫试验鉴定其多肽产物。另外，可如美国专利 5, 436, 128 描述的那样，用报道基因进行基于转录的试验。报道基因可以是，如氯霉素乙酰转移酶、萤火虫荧光素酶、细菌荧光素酶、 β -半乳糖苷酶和碱性磷酸酶。另外，可将感兴趣的蛋白质通过与第二报道子，如绿色荧光蛋白结合，用作间接报道子(见例如，Mistili & Spector, *Nature Biotechnology* 15: 961-964(1997))。

然后将转录量与不存在测试化合物的相同细胞中的转录量作比较，或与缺乏感兴趣的蛋白质的基本相同的细胞中的转录量作比较。基本相同的细胞可衍生自这样的相同细胞，即从它制备了重组细胞但未因引入异源 DNA 而改变。任何转录量的差异表明测试化合物以某种方式改变了固相蛋白质的活性。

B. 调节剂

测试的作为 T2R 家族成员的调节剂的化合物可以是任何小化合物或生物分子，如蛋白质、糖、核酸或脂类。另外，调节剂可以是 T2R 基因的遗传学改变形式。通常测试化合物将是小化学分子和肽。实质上任何化合物可被用作本发明试验潜在的调节剂或配体，虽然大多数化合物可溶于水或有机(尤其是基于 DMSO 的)溶液。设计一种试验，其可通过自动化检验步骤，并为试验提供来源方便的化合物(通常平行进行，如在机器人试验中的微量滴定板上的微量滴定试验)，来筛选庞大的化学药品文库。可理解，有许多化学药品供应商，包括 Sigma(St. Louis, MO)、Aldrich(St. Louis, MO)、Sigma-Aldrich(St. Louis, MO)、Fluka Chemika-Biochemica Analytika(Buchs Switzerland)等。

在一实施例中，高通量筛选方法涉及提供一种含有许多潜在治疗化合物(可能的调节剂或配体化合物)的组合性化学药品或肽文库。然后在一个或多个本文所述的试验中筛选这些“组合性化学药品文库”或“配体文库”，来鉴定那些显示理想

特征活性的文库成员(具体化学药品种类或亚类)。如此鉴定的化合物可作为常规“前导化合物”或本身能作为潜在的或实际的治疗剂。

组合性化学药品文库是由化学合成或生物学合成,通过组合许多化学“建筑构件”如试剂,产生的多样化化合物的集合。例如,线性组合性化学药品文库,如多肽文库是通过以各种可能方式针对给定化合物长度(即多肽化合物中的氨基酸数)组合一组化学建筑构件(氨基酸)形成的。可通过这种化学建筑构件的组合性混合合成数以百万计的化合物。

制备和筛选组合性化学药品文库是本领域技术人员熟知的。这些组合性化学药品文库包括但不限于:肽文库(见例如,美国专利 5,010,175, Furka, Int. J. Pept. Prot. Res. 37: 487-493(1991)和 Houghton 等, *Nature* 354: 84-88(1991))。也可采用其它产生化学多样性文库的化学。这些化学包括但不限于:肽(如 PCT 出版号 W091/19735)、编码的肽(如 PCT 出版号 W0 93/20242)、随机生物寡聚物(如 PCT 出版号 W0 92/00091)、苯并二吡啶庚因(如美国专利号 5,288,514)、多样体(diversome)如乙内酰脲、苯并二吡啶庚因和二肽(Hobbs 等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 90: 6909-6913(1993))、乙烯基类多肽(Hagihara 等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 114: 6568(1992))、具有葡萄糖骨架的非肽肽模拟物(Hirschmann 等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 114: 9217-9218(1992))、小化合物文库的类似有机合成(Chan 等, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 116: 2661(1994))、寡氨基甲酸盐(Cho 等, *Science* 261: 1303(1993)),和/或肽基磷酸酯(Campbell 等, *J. Org. Chem.* 59: 658(1994))、核酸文库(见 Ausubel Berger 和 Sambrook, 同上)、肽核酸文库(见专利 5,539,083)、抗体文库(见例如 Vaughn 等, *Nature Biotechnology*, 14(3): 309-314(1996)和 PCT/US96/10287)、糖类文库(见例如 Liang 等, *Science* 274: 1520-1522(1996)和美国专利 5,593,853)、小有机分子文库(见例如苯并二吡啶庚因, Baum C&EN, an 18, 33 页(1993); 异戊二烯化合物, 美国专利 5,569,588; 噻唑啉酮和间噻唑啉酮, 美国专利 5,549,974; 吡咯啉酮, 美国专利 5,525,735 和 5,519,134; 吗啉代化合物, 美国专利 5,506,337; 苯并二吡啶庚因, 5,288,514 等)。

制备组合文库的装置是可商业购得的(见例如, 357MPS, 390MPS, Advanced Chem Tech, Louisville KY, Symphony, Rainin, Woburn, MA, 433A Applied Biosystems, Foster City, CA, 9050 Plus, Millipore, Bedford, MA)。另外,许多组合文库自身是可商业购得的(见例如, ComGenex, Princeton, N.J. Tripos, Inc., St.

Louis, MO, 3D Pharmaceuticals, Exton, PA, Martek Biosciences, Columbia, MD, 等)。

C. 固态和可溶性高通量试验

在一个优选例中本发明提供了的可溶性试验采用分子, 如功能域, 配体结合功能域、胞外功能域、跨膜功能域(如含有含有 7 个跨膜区和胞质环), 跨膜功能域和胞质功能域、活化位点、亚基结合区等; 与异源蛋白质共价连接, 形成嵌合分子的功能域; T2R 蛋白; 表达天然存在或重组 T2R 蛋白的细胞或组织。在另一个实施例中, 本发明提供了基于体外试验的高通量形式的固相, 其中功能域、嵌合分子、T2R 蛋白或表达 T2R 的细胞或组织与固相底物结合。

在本发明的高通量试验中, 可能在一天中筛选上千种不同的调节剂或配体。具体说, 可用微量滴定板的各孔进行针对所选潜在调节剂的独立试验, 或如果要观察浓度或培育时间的作用, 每 5-10 个孔可测试一个调节剂。因此, 一个标准微量滴定板可检验约 100(如 96)种调节剂。如果使用 1536 孔板, 则一块板可容易的检验从约 100-1500 种不同化合物。每天检验几块不同的板是可能的; 用本发明的整合系统试验筛选约 6000-20, 000 种不同化合物是可能的。最近, 已由例如 Caliper Technologies(Palo alto, CA)开发了试剂操纵的微流体方法。

可将感兴趣的分子与固态组分直接或间接通过共价或非共价键, 如通过标记结合。标记可以是不同组分的任一种。一般与标记结合(标记粘合剂)的分子固定于固相载体, 而感兴趣的加标记的分子(如感兴趣的味觉转导分子)通过标记和标记粘合剂的相互作用结合于固相载体。

可采用许多标记和标记粘合剂, 可根据文献中详述的已知分子的相互作用。例如, 当标记是天然粘合剂, 如生物素、蛋白 A、蛋白 G 时, 可与合适的标记粘合剂联用(亲和素、链霉亲和素、中性亲和素(neotravadin)、免疫球蛋白的 Fc 区等)。具有天然粘合剂如生物素的分子的抗体也是广泛可得的; 合适的标记粘合剂, 见 SIGMA immunochemicals 1998 catagolue SIGMA, St.Louis MO)。

类似的, 可联合合适的抗体使用任何半抗原或抗原化合物形成标记/标记粘合剂对。数以千计的特异性抗体是商品可购得的, 而且许多其它抗体在文献中有所描述。例如, 在一种常用配置中, 标记是第一抗体, 而标记结合剂是第二抗体, 它识别第一抗体。除了抗体-抗原相互作用外, 受体-配体相互作用也适合作为标记和标记-结合剂配对。例如, 细胞膜受体促效剂和拮抗剂(如细胞受体-配体相互作用, 如转铁蛋白、c-kit、病毒受体配体、细胞因子受体、趋化因子受体、白细胞介素

受体、免疫球蛋白受体和抗体、钙粘着蛋白家族、整合素家族、选择素家族等；见如 Pigott & Power, *The Adhesion Molecule Facts Book I* (1993))。类似的，毒素和毒物、病毒表位、激素(如鸦片制剂、类固醇等)、胞内受体(如介导各种小配体，包括：类固醇、甲状腺激素、类视色素和维生素 D；肽的作用)、药物、凝集素、糖、核酸(线性和环化聚合物构象的)、寡糖、蛋白质、磷脂和抗体都可与不同细胞受体相互作用。

合成聚合物，如聚氨基甲酸乙酯、聚酯、聚羧酸、聚脲、聚酰胺、聚乙亚胺、聚硫化丙烯、聚硅氧烷、聚亚酰胺和聚乙酸酯也可形成合适的标记或标记结合剂。许多其它标记/标记结合剂配对在本文描述的试验系统中也是有用的，而且对于技术人员参考本公开后将是清楚的。

常用接头如肽、聚酯等也可作为标记，并包括多肽序列，如约 5-200 个氨基酸之间的聚甘氨酸序列。这些柔性接头对于本领域技术人员来说是已知的。例如，聚(乙二醇)接头可得自 Shearwater Polymers, Inc. Huntsville, Alabama。这些接头可任选具有酰胺键、巯基键、或杂官能键。

使用任何现有的不同方法将标记结合剂固定在固相基质上。通过将全部或部分基质与一化学试剂(该试剂能将与标记结合剂的部分反应的化学基团固定到表面上)接触，衍生或官能化固相基质。例如，适合与较长链部分结合的基团包括胺、羟基、巯基和羧基。可用氨烷基硅烷和羟烷基硅烷官能化各种表面，如玻璃表面。这些固相生物聚合物阵列的构建在文献中被详细描述。见例如，Merrifield, *J. Am. Chem. Soc.* 85: 2149-2154(1963) (描述了肽的固相合成)；Geysen 等, *J. Immun. Meth.* 102: 259-274(1987) (描述了固相组分在针上的合成)；Frank & Doring, *Tetrahedron* 44: 60316040(1988) (描述了不同肽序列在纤维素盘上的合成)；Fodor 等, *Science*, 251: 767-777(1991)；Sheldon 等, *Clinical Chemistry* 39(4): 718-719(1993)；和 Kozal 等, *Nature Medicine* 2(7): 753759(1996) (全都描述了固定在固相基质上的生物聚合物阵列)。用于将标记结合剂固定在基质上的非化学方法包括其它常用方法，如加热、UV 辐照交联等。

D. 基于计算机的试验

还有另一种研究调节 T2R 蛋白活性的化合物的试验涉及计算机辅助药物设计，其中使用计算机系统来产生 T2R 蛋白的三维结构，根据其氨基酸序列编码的结构信息。输入的氨基酸序列直接和活跃的与计算机程序中预先设定的算法相互作用，得到蛋白质的二级、三级和四级结构模型。然后检测蛋白质结构模型，来鉴定具有结

合例如配体的能力的结构区域。然后用这些区域鉴定与该蛋白质结合的配体。

将至少 10 个氨基酸残基的序列或编码 T2R 多肽的相应核酸序列输入计算机系统，产生了该蛋白质的三维结构模型。从含有 SEQ ID NO: 1-165 及其保守修饰形式选出编码多肽的核酸或多肽的氨基酸序列。氨基酸序列代表该蛋白质的初级序列或亚序列，其编码该蛋白质的结构信息。用计算机键盘将该氨基酸序列(或编码 10 个氨基酸的核苷酸序列)的至少 10 个残基输入计算机系统，计算机可读底物包括但不限于：电子储存媒体(如磁盘、磁带、盒式磁盘和芯片)，光学媒介(如 CD ROM)，因特网站点散布的信息，和 RAM。然后使用本领域技术人员已知的软件从氨基酸序列和计算机系统的相互作用产生该蛋白质的三维结构模型。

氨基酸序列代表编码形成感兴趣的蛋白质的二级、三级和四级结构所需的信息的初级结构。软件观察某些一级结构编码的参数来产生结构模型。这些参数被称为“能量条款”，主要包括静电电势、疏水性能、溶剂可接近表面和氢键、二级能量条款包括范德华力。生物分子形成以累计形式使能量条款最小化的结构。因此，计算机程序用这些一级结构或氨基酸序列编码的条件建立二级结构模型。

然后根据二级结构的能量条款，形成二级结构编码的蛋白质的三级结构。在此时用户可输入其它变量，如是否蛋白质是膜结合的或可溶的，它在体内的位置，及其细胞位置，如细胞质、表面或核。用这些变量和二级结构的能量条款形成三级结构的模型。在三级结构建模中，计算机程序使二级结构的疏水表面和类似的匹配，使二级结构的亲水表面和类似的匹配。

一旦结构已产生，用计算机系统鉴定可能的配体结合区域。如上所述输入氨基酸或核苷酸序列，或化合物的化学式，产生可能的配体的三维结构。然后将该可能的配体的三维结构与 T2R 蛋白的结构比较，来鉴定与蛋白结合的配体。用能量条款确定蛋白质和配体之间的结合亲和力，来确定哪些配体具有增强的结合该蛋白质的可能性。

还可利用计算机系统筛选 T2R 基因的突变、多态变体、等位基因和种间同系物。可将这些突变与疾病情况或基因性状相联系。如上所述，可用 GeneChip™和相关技术筛选突变、多态变体、等位基因和种间同系物。一旦鉴定到了变体，可用诊断试验来鉴定具有这些突变基因的病人。突变的 T2R 基因的鉴定涉及接受输入编码 T2R 基因的第一核酸或氨基酸序列(选自 SEQ ID NO: 1-165 的任一及其保守修饰形式)。如上所述将该序列输入计算机系统。然后将第一核酸或氨基酸序列与第二核酸或氨基酸序列(与第一序列基本相同)比较。将第二序列以上述方式输入计算机系

统。一旦比较第一和第二序列，鉴定了序列之间的核苷酸或氨基酸差异。这些序列可代表 T2R 基因中的等位基因差异，和与疾病状态和基因性状有关的突变。

IX. 施药和药物组合物

可直接将味觉调节剂施给哺乳动物，在体内调节味道。施药可通过通常用于将调节剂化合物引入，待治疗的组织与其最终接触的任何途径，如舌或口接触途径施药。以任何合适方式，可任选的与药物学上可接受的载体一起施用味觉调节剂。合适的施用这些调节剂的方法是现成的，而且是本领域技术人员熟知的，并且，虽然可使用一种以上途径施用一种具体组合物，但一条特定途径常比其它途径提供更迅速和更有效的反应。

药物学上可接受的载体部分由待施用的具体组合物，以及施用该组合物使用的特定方法所确定。因此，有各式各样本发明药物组合物的合适制剂（见例如，Remington's Pharmaceutical Sciences, 17 版, 1985）。

味觉调节剂，单独或联合其它合适成分，可制成气雾制剂（即它们可以是“喷雾状”），以通过吸入施用。可将气雾制剂置于压缩的可接受喷雾剂中，如二氯甲烷、丙烷、氮气等。

适合施用的制剂包括水或非水溶剂、等渗无菌溶液，它们可含有抗氧化剂、缓冲液、抑菌剂和使制剂等渗的溶剂，和水和非水无菌悬液，它可包含悬浮剂、增溶剂、增稠剂、稳定剂和防腐剂。在本发明的实施中，可口腔、外用、静脉内、腹膜内、膀胱内或鞘内施用该组合物。可任选的，口腔或鼻内施用该组合物。化合物制剂可置于单剂或多剂密封容器，如安瓿和试管中。可从上述的无菌粉末、颗粒和片剂制备溶剂和悬液。还可作为制备食品或药物的一部分施用调节剂。

本发明产品施给病人的剂量应足够能在一段时间内在病人体内产生有益反应。该剂量将由所用的具体味觉调节剂和病人的情况，以及体重或待治疗区域的表面积决定。剂量大小还将由具体病人施用具体化合物或载体后伴随发生的不良副作用、其性质和程度决定。

在确定要施用的调节剂的有效量时，医师可评估调节剂的循环血浆水平，调节剂的毒性，以及抗-调节剂抗体的产生。一般，相当于调节剂的剂量对于一般个体是约 1ng/kg-10mg/kg。

为了施用，本发明的味觉调节剂可以根据该调节剂的 LD-50，和抑制剂在不同浓度的副作用（如对病人的质量和总体健康）来确定施药速度。可通过单剂或分剂量完成施药。

VIII. 试剂盒

T2R 基因及其同系物是鉴定味觉受体细胞，法医学和亲子鉴定，和测定味觉转导的有用工具。用与 T2R 核酸特异性杂交的 T2R 家族成员特异性试剂，如 T2R 探针和引物，和与 T2R 蛋白特异性结合的 T2R 抗体等 T2R 特异性试剂，检测味觉细胞表达和味觉转导调控。

检测样品中 T2R 家族成员的 DNA 和 RNA 的存在的核酸试验包括许多本领域技术人员已知的技术，如 DNA 分析、RNA 分析、斑点印迹、RNase 保护、S1 分析、扩增技术，如 PCR 和 LCR，和原位杂交。例如在原位杂交中，靶核酸是从其细胞周质中释放出来的，从而能在细胞内杂交，而同时保存细胞形态，利于随后翻译和分析。下列文章提供了对原位杂交技术的纵览：Singer 等，*Biotechniques* 4: 230-250(1986)；Haase 等，*Methods in Virology*, VII 卷，189-226(1984)；和 *Nucleic Acid Hybridization: A Practical Approach*(Hames 等编，1987)。另外，可用上述各种免疫试验技术检测 T2R 蛋白。通常将测试样品同时与阳性对照(如表达重组 T2R 蛋白的样品)和阴性对照比较。

本发明还提供了试剂盒，来筛选 T2R 家族成员的调节剂。可从易得的材料和试剂制备这些试剂盒。例如，这些试剂盒可包含下列任一或多种材料：T2R 核酸、反应试管和测试 T2R 活性的说明书。可任选的，该试剂盒含有生物学活性 T2R 受体。可根据本发明，根据需要试剂盒的用户和用户的具体需求，来制备各式各样的试剂盒和组分。

实施例

提供下列实施例仅供说明，而不是为了限制。本领域技术人员将轻易理解，可改变或修改各种非关键性参数，而得到实质上相似的结果。

实施例 I: T2R 基因家族的鉴定

近来人类遗传连锁研究鉴定出 5p15 的一个基因座与对苦味物质 6-正丙基-2-硫脲嘧啶的反应能力有关 (PROP; Reed 等, *Am. J. Hum. Genet.* 64:1478-1480(1999))。为了测定 PROP 敏感性中的差异是否反映了苦味受体中的功能差异，检索 DNA 序列数据库中在该位置编码候选跨膜蛋白的基因。对跨越该基因间隔区 6 个测序的人基因组 BAC 克隆(见例如登录号 AC003015)450kbDNA 的开放阅读框的分析在 5p15.2 鉴定出新的 GPCR(T2R1)。T2R1 具有 7 个推测的跨膜区段，因为 7 个保守的残基常存在于 GPCR 中(Probst 等, *DNA Cell Biol.* 11:1-20(1992))。

使用 T2R1，并用 T2R1 相关序列重复的计算机检索揭示了 19 个额外的人受体

(12个全长,7个假基因)。用PCR扩增基因组DNA分离全长hT2R。在低严格性(50-55℃用1X SSC洗涤)下用全长hT2R探测大鼠周缘cDNA文库(Hoon等, Cell, 96:541-551(1999))和小鼠BAC滤膜阵列(Genome Systems)。用DNA杂交实验鉴定一组非冗余阳性BAC,并对重叠BAC进行排序。

这些称为T2R(也称为“SF”)的新受体确定了一组新的GPCR家族,他们和V1R犁鼻器受体和视蛋白遥远相关。与属于特征为大N-末端结构域的GPCR超家族的T1R相反,T2R仅具有短胞外N-末端。T2R家族各成员显示30-70%的氨基酸相同性,大部分在前三个和后三个跨膜区段,以及第二个胞质环中具有高度保守序列基序。T2R之间最趋异的区域是胞外区段,部分延伸入跨膜螺旋中。假定T2R之间的高度可变性反映了识别许多结构多样的配体的需要。与其它许多GPCR一样,T2R不含打断编码区的内含子。

实施例 II—人 T2R 基因的组织

鉴定出的人T2R基因定位在三条染色体上,常常是头-尾顺序排列的。例如,4个受体基因集中在7q31的一个PAC克隆中,9个在12p13的一个BAC克隆中。在这些阵列中可能有更多人T2R,因为部分测序的BAC克隆中发现了7个额外的人T2R,重叠9基因T2R基因簇。在一个给定的阵列内,受体相似性是高度可变的,同时包括较关联(如hT2R13、hT2R14和hT2R15)和较分化的受体(如hT2R3和hT2R4)。在小鼠中监测该类组织(见下文),与对于人、小鼠、苍蝇和蚯蚓的嗅觉受体基因观察到的基因组组织相似(Rouquier等, Nat. Gent. 18:243-250(1998); Sullivan等, PNAS 3:884-888(1996); Clyne等, Neuron 22:327-388(1999); Vosshall等, Cell 96:725-736(1999); Troemel等, Cell 83:207-218(1995))。

为了估计该基因大家族大小,检测了各种基因组来源。分析Genome Sequence Survey数据库(gss)得到12个部分T2R序列。由于该数据库代表约14%人基因组的主要随机采样,该数据提示在人基因组中可能有约90个T2R基因。对于完成和未完成的高通量人基因组序列数据库(htgs)的类似研究产生了36个全长和15个部分T2R序列,这些数据占基因组序列的约50%,还指出基因组中约100个T2R基因。认识由于可得数据库的质量,人基因组中成簇、非随机分散,该分析可能是不准确的,估计T2R家族具有80-120个成员。然而,全长人T2R的1/3以上是假基因;因此,功能性人受体的最终数量可能小得多(即40-80)。这和对于人嗅觉受体观察到的相似;其中许多基因可能是假基因(Rouquier等, Nat. Gent. 18:243-250(1998))。

实施例 III—T2R 基因与苦味有关的基因座有关。

在小鼠中已广泛研究了甜味和苦味品尝的遗传学，其中已用行为性味道选择试验对许多影响对甜味和苦味物质的反应的基因座进行了作图(Warren 和 Lewis, Nature 227:77-78(1970); Fuller, J. Hered. 65:33-66(1974))。小鼠染色体 6 的远侧末端含有一簇苦味基因，包括 *Soa*(对于蔗糖八乙酸酯; Capeless 等, Behav. Genet. 22:655-663(1992)), *Rua*(棉子糖十一乙酸酯, Lush, Gent. Res. 47:117-123(1986)), *Cyx*(环己酰亚胺; Lush 和 Holland, Genet. Res. 52:207-212(1988)) 和 *Qui*(奎宁; Lush, Genet. Res. 44:151-160(1984))。重组研究表明这四个基因座彼此紧密连接，并与 *Prp*(唾液富含脯氨酸蛋白; Azen 等, Trends Genet. 2:199-200(1986))紧密连接。人的 9 基因 T2R 基因簇含有三个交替的 PRP 基因，对与小鼠染色体 6 基因簇同源的间隔区作图。

为了限定小鼠染色体 6 苦味基因簇和 T2R 之间的关系，分离了 T2R 基因，测定其基因组组织，物理和基因图定位。通过用人 T2R 筛选小鼠基因组文库，分离了含 61 个 BAC 克隆的 28 个小鼠 T2R。小鼠和人受体显示显著的氨基酸序列趋异性，但都具有与该受体新家族成员相同的序列基序。用小鼠/仓鼠放射杂交板(Research Genetics)，并通过检测 C57BL/6J x DBA/2J 重组近交系(Jackson Laboratory)的板中的单核苷酸多态性对小鼠 T2R 作图。这些研究显示小鼠基因仅在几个基因组座位成簇。含有小鼠 T2R 的各基因间隔区都与含有其最近的人对应部分的基因同源：mT2R8 和 hT2R4、mT2R18 和 hT2R16、和 mT2R19 和 hT2R1。在这三组人/小鼠受体的可能的直向同源配对中，人 T2R1 和 T2R16 作图都在与人苦味感受有关的位置(Conneally 等, Hum. Hered. 26:267-271(1976); Reed 等 Am. J. Hum. Genet. 64:1578-1480(1999))。剩余的 25 个 mT2R 都作图在 6 号染色体的远侧末端，并由 3 个至少 400kb 长的 BAC 重叠群代表。

由于 *Prp* 和苦味-基因簇也在小鼠 6 号染色体的远侧末端，确定它们是否在该 T2R 阵列中。分析 DBA/2x C57BL/6 重组近交板，揭示全部 3 个 BAC 重叠群内的受体和 *Prp* 和苦味基因簇共同分离。另外，分离了小鼠 *Prp* 基因(登录号 M23236, 含 *D6Milt13*)，并显示它位于大 6 号染色体 T2R 基因簇内。这些结果显示 T2R 与涉及苦味感受的基因座密切关联。

实施例 IV—在味觉受体细胞中表达 T2R

舌上皮含有三种乳头的味蕾：舌很后部的周缘乳头、舌后侧边缘的叶状乳头和分散在舌表面前半部的蕈状乳头。口腔的其它部分也具有味蕾；这些在称为

geschmackstrifen 的上颌表皮内和食道中尤其显著。为了检测 T2R 表达的模式，用各种味觉乳头的切片进行了原位杂交。为了确保所用的探针在味觉组织中表达，筛选了一个大鼠周缘 cDNA 文库，分离了 14 只大鼠 T2R cDNA，分别是小鼠基因组克隆的直向同源物。

为了尝试原位杂交，从成年大鼠和小鼠获得了组织。观察到表达模式的非性别特异性差异，因此可互换使用雄性和雌性动物。将新鲜的冷冻切片(16 微米)附着在硅烷化载玻片上，如前所述制备原位杂交(Hoon 等, *Cell* 96:541-551(1999))。全部原位杂交在高严格性下进行(杂交, 5X SSC, 50%甲酰胺, 65-72°C, 洗涤, 0.2 X SSC, 72°C)。用碱性磷酸酶偶联抗体与毛地黄毒苷以及标准显色底物(Boehringer Mannheim)显示信号。如果可能，探针含有延伸的 3'-非翻译序列，使在原位杂交的严格性下观察不到的 T2R 之间的可能交叉杂交最小化。

这些实验证明 T2R 在舌和上颌表皮的味觉受体细胞亚组中选择性表达。各受体与平均每切片每各味蕾 2 个细胞杂交。由于这些实验中所用的切片占味蕾深度的 1/5-1/3，所以这反映了总的 6-10 个阳性细胞/味蕾/探针(或味蕾中约 15%细胞)。系列切片的检测显示，周缘乳头的所有味蕾含有对于每个探针都是阳性的细胞。迄今，已用 11 个大鼠 T2R 和在用 17 个不同 mT2R 探针杂交的小鼠切片中观察到相当的结果。

在叶状、geschmackstreifen 和食道味蕾中的类似研究证明，各受体探针还标记各味蕾中约 15%的细胞。相反，T2R 很少在蕈状乳头中表达。用 11 个不同 T2R 探针的几百个蕈状味蕾证明，全部蕈状乳头的不到 10%含有表达 T2R 的细胞。有趣的是，几个确实表达 T2R 的蕈状味蕾往往含有多个阳性细胞。实际上，这些乳头中的阳性细胞数与口腔其它区域的味蕾中所见的无显著不同。另外，含有表达 T2R 的细胞的蕈状乳头常常是成簇出现的。这个未料到的发现提供了味道编码逻辑的重要线索。已知鼓索神经的一根纤维促动蕈状味蕾中多个细胞，而相同的纤维投射到相邻乳头(Miller, *J. Comp. Neurol.* 158:155-166(1974))。可能 T2R 阳性味觉受体细胞和蕈状乳头的味蕾的非随机分布反映了类似细胞之间的关联图。

RNA 分析和原位杂交证明 T2R 在味觉组织外表达不广泛。

实施例 V—各受体细胞表达多个 T2R 受体

上述结果证明任何给定的 T2R 在周缘、叶状和上颌味蕾的约 15%细胞中表达。确定在啮齿类基因组中有 30 种以上的 T2R，一个味觉细胞必需表达一个以上的受体。为了确定在任一细胞中表达多少受体和味觉受体细胞的哪一部分表达 T2R，将

用 2、5 或 10 个受体的不同混合物标记的周缘细胞数量与用对应的各探针标记的比较。通过计算多个系列切片中阳性细胞的数量，确定用混合探针(约 20%)标记的味觉细胞数量仅比用任何单独受体标记的大一点点(约 15%)。不惊奇的是，信号强度在混合探针杂交中显著增加。在来自口腔其它区域，包括蕈状乳头的味蕾中观察到类似的结果。为了直接证明共表达，用一组不同的标记的 cRNA 探针进行双标记实验。对于双标记荧光检测，用荧光素或毛地黄毒苷标记探针。用碱性磷酸酶偶联的抗荧光素抗体(Amersham)和辣根过氧化物酶偶联的抗-毛地黄毒苷抗体与坚牢红和酪酰胺荧光底物(Boehringer Mannheim 和 New England Nuclear)联合使用。在这些实验中，发现大多数细胞表达多个受体。

实施例 VI—T2R 基因在表达 gustducin 的细胞中选择性表达

之前的结果显示 T1R 在约 30%味觉受体细胞中表达。用不同标记的 T1R 和 T2R 探针原位杂交显示在这两类受体的表达中没有重叠。gustducin 还在一个大味觉受体细胞亚组中表达，但大部分不和 T1R 共表达(Hoon 等, Cell, 96:541-551(1999))。为了确定 T2R 是否在 gustducin 细胞中表达，用不同标记的 T2R 和 gustducin 核糖探针进行原位杂交。这些实验证明 T2R 主要在舌和上颌味蕾 gustducin 阳性的细胞中表达。

周缘、叶状和上颌味蕾中约 1/3 gustducin 细胞不被 10 种 T2R 探针的混合物标记，提出不是所有表达 gustducin 的细胞都表达 T2R。这些细胞可以表达其它，可能是更遥远相关的受体，或可以是不同发育阶段的受体。在蕈状味蕾中情况非常不同。由于仅 10%蕈状味蕾含有 T2R 阳性细胞，舌前部的大部分 gustducin 阳性细胞不共同表达受体的 T2R 家族成员。因此，似乎蕈状乳头的 gustducin 阳性细胞中表达另一组受体。

实施例 VII—T2R 的功能性表达

T2R 与 $G\alpha_{15}$ ，一种显示与磷脂酶 $C\beta$ 的大量受体偶联的 G 蛋白 α 亚基联合表达(Offermanns 和 Simon. J. Biol Chem 270:15175-80(1995); Krautwurst 等, Cell 95:917-926(1998))。在该系统中，受体激活导致胞内钙 $[Ca^{2+}]_i$ 的提高，可在单细胞水平用 FURA-2 钙-指示剂染料监测(Tsien 等, Cell Calcium 6:145-157(1985))。为了测试和优化 $G\alpha_{15}$ 偶联，使用了两种不同 GPCR(一种是 $G\alpha_i$ 偶联的 μ -阿片样肽受体(Reisine, Neuropharm. 34:463-472(1995))和一种 $G\alpha_q$ -偶联的 mGluR1 受体(Masu 等, Nature 349:760-765(1991)))。将这些受体转染入 HEK-239 细胞产生促效剂选择性的、 $G\alpha_{15}$ 依赖性的强 Ca^{2+} 反应(图 1)。

许多研究已显示,许多 GPCR,特别是感觉受体需要特定的“嵌合体”以成熟和通过分泌途径靶向(Baker 等, *Embo J* 13:4886-4895(1994); Dwyer 等, *Cell* 93:455-466(1998))。近来, Krautwurst 等(*Cell* 95:917-926(1998))产生了含有视紫红质前 20 个氨基酸和各种啮齿类嗅觉受体的嵌合受体。这些靶向质膜,在 HEK-293 细胞中起到嗅觉受体的作用。为了测定视紫红质序列是否也帮助靶向 T2R 到质膜,构建了视紫红质-T2R 嵌合体(rho-T2R)。这些融合蛋白的表达证明牛视紫红质的前 39 个氨基酸对将 T2R 靶向到 HEK-293 细胞的质膜非常有效(图 2)。用 11 种人和 16 种啮齿类 T2R 也获得了类似的结果(见下文)。为了进一步提高 T2R 表达的水平,将 rho-T2R 置于强 EF-1 α 启动子的控制下,作为游离质粒引入表达 G α 15 的修饰的 HEK-293 细胞中(pEAKrapid 细胞)。

用桥重叠 PCR 延伸技术产生 rho-T2R 嵌合体,它在阅读框内含有牛视紫红质前 39 个氨基酸和人与啮齿类 T2R 编码序列(Mehta 和 Singh, *Biotechnologies* 26:1082-1086(1999))。所有受体克隆入 pEAK10 表达载体(Edge Biosystems, MD)。37°C 在补充有 5%胎牛血清、100 微克/毫升庆大霉素硫酸酯(Fisher)、1 微克/毫升两性霉素 B 和 2mM GlutamaxI(Lifetechnologies)的 UltraCulture 培养基(Bio Whittaker)中培养和维持修饰的 HEK-293 细胞(PEAK^{rapid} 细胞; Edge Biosystems, MD)。为了转染,将细胞接种在用 matrigel 包裹的 24-孔培养平板或 35 毫升记录室中。37°C 24 小时后,用 OptiMEM 培养液(Lifetechnologies)洗涤细胞,用 LipofectAMINE 试剂(Lifetechnologies)转染。通过与 GFP 报道质粒共转染估计转染效率,通常>70%。转染后 36-48 小时进行免疫荧光染色和活性试验。

对于免疫染色,在包裹的玻璃盖玻片上培养转染细胞,在冰冷的 2%聚甲醛中固定 20 分钟,用 1%BSA 封阻,并在 4°C 在含有 1:1000 稀释的抗视紫红质 mAb B6-30 的封阻缓冲液中培育 4-6 小时(Hargrave 等, *Exp Eye Res* 42:363-373(1986))。用 FITC-偶联的驴抗小鼠二抗(Jackson Immunochemical)显示嵌合受体表达。

使用两个平行方法鉴定 T2R 的配体。一个是选择随机的人、大鼠和小鼠 T2R 受体组,分别测试对于 55 种苦味和甜味物质的集合,包括(标出了测试的最大浓度): 5mM 马兜铃酸、5mM 阿托品、5mM 番木鳖碱、5mM 咖啡酸、10mM 咖啡因、1mM 氯喹、5mM 环己酰亚胺、10mM 苯甲酸地那铵、5mM(-)表儿茶精、10mM L-亮氨酸、10mM L-赖氨酸、10mM MgCl₂、5mM 柚苷。10mM 尼古丁、2.5mM 盐酸罂粟碱、3mM 苯基硫脲、10mM 6-正丙基硫脲嘧啶、1mM 奎阿因、1mM 盐酸奎宁、800 μ M 棉子糖十一乙酸酯、3mM 水杨苷、5mM 鹰爪豆碱、5mM 硝酸马钱子碱、3mM 蔗糖八乙酸酯、

2mM 盐酸四乙基铵、10mM L-酪氨酸、5mM 育亨宾、各 10mM 的 L-甘氨酸、L-丙氨酸、D-色氨酸、L-苯丙氨酸、L-精氨酸、糖精钠、阿斯巴甜、环磺酸钠、乙酰舒泛 K、0.1% 莫尼糖蛋白、0.1% 竹芋蛋白。其它甜味物质是 150 μ M 天门冬酰丙氨酸酯、1.8mM 卫茅醇、800 μ M 甜叶菊甙、1.9mM cyanosusan、600 μ M 二盐酸新橘皮苷、10mM 木糖醇、9.7mM H-Asp-D-Ala-OTMCP、70 μ M N-Dmb-L-Asp-L-Phe-Ome 和 12 μ M N-Dmb-L-Asp-D-Val-(S)- α 甲基苯甲酰胺。在这些试验中，基于 4 个标准评估了功能性偶联：味道选择性、瞬间比活力、和受体与 G 蛋白依赖性。第二个策略依靠小鼠中苦味感受的遗传学数据将候选受体与特定的味道结合起来。

约 30 年前，首次报道了小鼠的各种近交系对苦味化合物蔗糖八乙酸酯的敏感性不同(Warren 和 Lewis, Nature 227:77-78(1970))。随后，许多研究显示该品系的差异是由于一个基因组(Soa)的等位基因变化(Whitney 和 Harder, Behav Genet 16:559-574(1986); Capeless 等, Behav Genet 22:655-663(1992))。这些发现延伸到其它影响对各种苦味物质的敏感性的基因座，包括棉子糖十一乙酸酯(Rua)、环己酰亚胺(Cyx)、甘氨酸铜(Glb)和奎宁(Qui)(Lush, Genet. Res. 44: 151-160(1984); Lush, Genet. Res. 47:117-123(1986), Lush 和 Holland(1988))。基因作图实验显示 Soa、Rua、Cyx、Qui 和 Glb 基因座在 6 号染色体远侧末端成簇(Lush 和 Holland, Genet. Res 52:207-212(1988); Capeless 等, Behav. Genet 22:655-663(1992))。根据上述各 T2R 基因到小鼠中与苦味有关的基因座定位，构建了来自该阵列的 T2R 基因，对应于 rho-mT2R 嵌合体，各自转染入表达谱交 G α 15 蛋白的 HEK-293 细胞。在细胞中加入 FURA-2 后，测试对蔗糖八乙酸酯、棉子糖十一乙酸酯、甘氨酸铜、奎宁和环己酰亚胺的反应。

用含有 1mM 丙酮酸钠和 10mM HEPES 的 Hank's 平衡盐溶液，pH7.4(试验缓冲液)洗涤转染细胞一次，并在室温下加入 2 μ M FURA-2 AM(Molecular Probes)1 小时。除去加样溶液，在 200 微升试验缓冲液中培养 1 小时，清除 AM 酯。对于大部分实验，用 200 微升 2x 味道物质溶液(见下一节)刺激含有表达一种 rho-T2R 的细胞的 24 孔组织培养平板。用装有 10x/0.5 荧光物镜和 TILL 显影系统(T. I. L. L Photonics GmbH)的 Nikon Diaphot 200 显微镜监测[Ca²⁺]_i。荧光影像的获得和分析使用 TILL-Vision 软件。通常通过依次在 340nm 和 380nm 照射细胞 200ms，测量 [Ca²⁺]_i 80-120 秒，并用冷却的 CCD 照相机监测 510 纳米的荧光发射。分析 F₃₄₀/F₃₈₀ 测量 [Ca²⁺]_i。

用浴灌注系统测量激活和灭活的动力学。将细胞接种在 150 微升微量灌注室

中, 用 picospritzer 装置(General Valve, Inc.)压力注射测试溶液。调节流速, 确保浴溶液在 4-5 秒内完全交换。就 mT2R5 而言, 测量了整个照像视野, 因为>70% 的细胞对环己酰亚胺有反应。对于 mT2R8 和 hT2R4, 平均各实验中有感兴趣的 100 个区域。

表达 mT2R5 的细胞对环己酰亚胺特异性反应(图 3)。反应常常发生在几乎所有转染的细胞中, 并且是受体和 $G\alpha_{15}$ 依赖性的, 因为缺乏这些成分中任一细胞不能引发 $[Ca^{2+}]_i$ 的变化, 甚至在环己酰亚胺浓度高 5000 倍时也不行。如该偶联系统所预期的, $[Ca^{2+}]_i$ 中味道引起的增加是由于从内部储藏中释放, 因为在正常是 $0[Ca^{2+}]_i$ 输出中获得类似的结果。环己酰亚胺对 mT2R5 的激活选择性非常强, 因为该受体对其它任何味道物质都不反应, 甚至在远超过其生物学上可靠的作用范围的浓度下也不反应(Saori, *Naturwissenschaften* 71:428-9(1984); Glendinning, *Behav Neurosci* 113:840-854(1994))(图 4a, b)。虽然环己酰亚胺对于人仅是微苦的物质, 啮齿类却对它强烈厌恶, 阈值是约 $0.25\mu M$ (Kusano 等, *Appl. Exptl. Zool.* 6:40-50(1971); Lush 和 Holland, *Genet. Res.* 52:207-212(1988))。在本文所述的基于细胞的试验中, 引发 mT2R5 半最大反应的环己酰亚胺浓度是 $0.5\mu M$; 阈值是约 $0.2\mu M$ (图 4c, d)。值得注意的是, 该剂量反应与在小鼠中测得的环己酰亚胺的敏感性相同。

为了测定环己酰亚胺反应的动力学, 将 rho-mT2R5 转染的细胞置于微量灌注室中, 在各种条件下与测试溶液超混合。细胞显示在施加刺激后(延迟小于 1 秒)对微摩尔浓度的环己酰亚胺的强瞬时反应。如预期的, 当除去味道物质时, $[Ca^{2+}]_i$ 回到基线。延长对环己酰亚胺的接触(>10 秒)导致适应: $[Ca^{2+}]_i$ 快速提高, 然后逐渐但不完全下降到休眠水平(图 4a)。类似的, 持续施加环己酰亚胺导致显著下降的反应, 表明脱敏作用(Lefkowitz 等, *Cold Spring Harb Symp Quant Biol* 57:127-133(1992))。这似乎发生于受体水平, 由于对照的共转染 mGluR1 反应在环己酰亚胺脱敏作用期间不改变。

为了确定其它 T2R 是否也被苦味化合物激活, 通过分别转染入表达 $G\alpha_{15}$ 的 HEK-293 细胞测试 11 种视紫红质-标记的人 T2R 受体。对苦味和甜味物质库, 包括氨基酸、肽和其它天然和合成化合物测试各转染系。这些实验证明强苦味物质地那铵引起被一种人候选味觉受体 hT2R4 转染的细胞中 $[Ca^{2+}]_i$ 的显著瞬间增加, 但在对照的未转染细胞中不增加(图 3), 或在用其它 hT2R 转染的细胞中也不增加。地那铵反应具有强剂量依赖性, 阈值约 $100\mu M$ 。感兴趣的是, hT2R4 显示有限范围的

滥交性，因为它还对高浓度的苦味物质 6-正丙基硫脲嘧啶 (PROP) 反应(图 5)。

如果 hT2R4 的反应反映了该受体的体内功能，那么假定可在其它物种中发现相似调整的受体。小鼠受体 mT2R8 是 hT2R4 可能的直向同源物：它们具有约 70% 的相同性，而次最接近的受体仅 40% 相同性；这两个基因包含在同源的基因间隔区内。产生了 rho-mT2R8 嵌合受体，用各式各样的味道物质检测其反应。事实上，mT2R8 和其人相应物一样，被地那铵和高浓度的 PROP 激活(图 3 和 5)。没有其它味道物质引起表达 mT2R8 的细胞显著反应。由于这两个受体仅具有 70% 的相同性，其对于苦味化合物的反应的相似性证实了它们作为直向同源苦味味觉受体的作用。

实施例 VIII—非环己酰亚胺品尝者小鼠在 mT2R5 味觉受体中具有突变

证明 mT2R5 作为环己酰亚胺的高亲和力受体提示，mT2R5 基因可能对应于 Cyx 基因座。与组织切片原位杂交证明，mT2R5 的表达情况在品尝者和非品尝者品系之间是不可分辨的(图 6)。为了测定 mT2R5 和 Cyx 基因座之间的联系，鉴定了 mT2R5 的多态性及其在来自 C57BL/6J (非品尝者) x DBA/2J (品尝者) 的重组近交组杂交。发现在 mT2R5 和 Cyx 基因座之间紧密连锁。为了测试 mT2R5 基因中的突变负责 Cyx 表型的可能性，从几种额外的特征确定的环己酰亚胺品尝者 (CBA/Ca、BALB/c、C3H/He) 和非品尝者 (129/Sv) 品系分离了 mT2R5 基因，测定其核苷酸序列。事实上，如预期的，如果 mT2R5 在这些品系中起到环己酰亚胺受体的作用，全部品尝者具有与 DBA/2J 相同的 mT2R5 等位基因，而非品尝者具有 C57BL/6 等位基因，它携带错义突变(图 6)，包括 3 个非保守氨基酸取代 (T44I、G155D 和 L294R)。

如果 mT2R5 C57BL/6 等位基因引起 Cyx 突变体的味觉缺陷，其环己酰亚胺剂量依赖性可能概括了在 Cyx 突变品系中所见的敏感性漂移。双瓶优势试验显示，Cyx 品尝者品系避免了环己酰亚胺，阈值为 $0.25\mu\text{M}$ ，而非品尝者的敏感性具有约 8 倍的增加(如，它们在 $1\mu\text{M}$ 是非品尝者，但在 $8\mu\text{M}$ 时强烈避开环己酰亚胺)。用来自非品尝者品系的 mT2R5 基因构建 rho-mT2R5 融合蛋白，比较其剂量依赖性与品尝者品系的剂量依赖性。明显来自非品尝者品系的 mT2R5 显示环己酰亚胺敏感性漂移(图 4d)，代表这些品系对该苦味物质的敏感性。总的说，这些结果证实 mT2R5 是环己酰亚胺受体，并强烈提示 mT2R5 对应于 Cyx 基因座。

实施例 IX—与 gustducin 偶联的 T2R

上述证明了 T2R 与 gustducin 共表达，提示 T2R 对苦味物质反应，激活该 G-蛋白。为了调查 T2R-G 蛋白偶联的选择性，选择 mT2R5 用于研究，因为其被环己酰亚胺的激活概括了口腔的味觉反应。用杆状病毒表达系统制备了 rho-标记的 mT2R5

和 gustducin。含 mT2R5 的膜与各种纯化的 G-蛋白, 包括 gustducin 一起培育, 并测量味道物质引起的 GTP- γ S 结合(Hoon 等, Biochem J. 30:629-636(1995))。特别是, 用 Bac-to-Bac 系统(Lifetechnologies, MD)产生含视紫红质的感染性 Bacmid 触发 mT2R5(DBA/2-等位基因)。用重组 Bacmid 感染昆虫幼虫细胞 60 小时, 如前所述制备膜(Ryba 和 Tirindelli, J Biol Chem 270:6757-6767(1995))。用 8M 脲处理除去周围的蛋白, 将膜重悬浮在 10mM HEPES pH7.5、1mM EDTA 和 1mM DTT 中。用蛋白质印迹, 使用 mAb B6-30 评估 rho-mT2R5 表达, 并用已知量的视紫红质评估。从 2×10^8 感染细胞获得 300pmol rho-mT2R5。如前所述分离 Gustducin 和 $G\beta_{1\gamma 8}$ 异源二聚体(Hoon 等, Biochem J 309:629-636(1995); Ryba 和 Tirindelli, J Biol Chem, 270:6757-6767(1995))。在 10nM rho-mT2R5、100 μ M GDP 和 20 μ M $G\beta_{1\gamma 8}$ 存在下, 测量了 gustducin 和其它 G-蛋白 α 亚基上受体催化的 GDP 交换 GTP γ S。所有测量在 15 分钟时间点中进行, 并反映了 GTP γ S 初始速率。

这些 GTP- γ S 结合试验揭示了 mT2R5 对 gustducin 精细的环己酰亚胺依赖性偶联(图 7)。相反, 用 $G\alpha_s$ 、 $G\alpha_i$ 、 $G\alpha_q$ 或 $G\alpha_o$ 未发现偶联。在受体、gustducin 或 $\beta\gamma$ -异源二聚物不存在时未发现显著 GTP γ S 结合。T2R5 对 gustducin 的高敏感性, 和 T2R 在含有 gustducin 的味觉受体细胞中的广泛表达, 确定了 T2R 起到 gustducin 连接的味觉受体的作用。

本说明书中引用的所有出版物和专利申请在此引入以供参考, 如同各单独出版物或专利申请具体和单独指明引入以供参考的那样。

虽然前面的发明已用一些说明性的细节和便于理解的例子进行了描述, 本领域普通技术人员将根据本发明的精神容易的懂得, 可对本发明作某些改变和修饰, 而不违背权利要求的精神和范围。

序列表

<110> C.S. 朱克(Zuker, Charles S)
 J.E. 阿德莱尔(Adler, Jon Elliot)
 N. 里巴(Ryba, Nick)
 K. 米勒(Mueller, Ken)
 M. 胡恩(Hoon, Mark)
 加利福尼亚大学董事会(The Regents of the University of California)
 美国政府健康及人类服务部(The Government of the United States of America, as
 represented by the Secretary, Department of Health and Human Services)

<120> T2R, 一类新味觉受体

<130> 02307E-098010PC

<140> PCT/US00/24821

<141> 2000-09-08

<150> US 09/393,634

<151> 1999-09-10

<150> US 09/510,332

<151> 2000-02-22

<160> 172

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 299

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R01, hGR01

<400> 1

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

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

<210> 2

<211> 900

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R01, hGR01

<400> 2

```

atgctagagt ctcacctcat tatctatddd cttcttgcag tgatacaatt tcttcttggg 60
atcttcacaa atggcatcat tgtggtggtg aatggcattg acttgatcaa gcacagaaaa 120
atggctccgc tggatctcct tctttcttgt ctggcagttt ctagaatddd tctgcagttg 180

```

```

ttcatcttct acgttaatgt gattgttatt ttcttcatag aattcatcat gtgttctgcg 240
aattgtgcaa ttctcttatt tataaatgaa ttggaacttt ggcttgccac atggctcggc 300
gttttctatt gtgccaaggt tgccagcgtc cgtcacccac tcttcatctg gttgaagatg 360
aggatatcca agctggtecc atggatgata ctgggggtctc tgctatatgt atctatgatt 420
tgtgttttcc atagcaaata tgcagggttt atgggtcccat acttcctaag gaaatttttc 480
tcccaaaatg ccacaattca aaaagaagat aactggcta tacagatttt ctcttttgtt 540
gctgagttct cagtgccatt gcttatcttc ctttttgctg ttttgctctt gattttctct 600
ctggggaggc acaccgggca aatgagaaac acagtggccg gcagcagggt tcctggcagg 660
gggtgcacca tcagcgcgtt gctgtctatc ctgtccttcc tgatcctcta cttctccac 720
tgcatgataa aagtttttct ctcttctcta aagtttcaca tcagaagggt catctttctg 780
ttcttcatcc ttgtgattgg tatataccct tctggacact ctctcatctt aattttagga 840
aatcctaaat tgaacaaaaa tgcaaaaaag ttctctctcc acagtaagtg ctgtcagtga 900

```

<210> 3

<211> 302

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R02, hGR02

<400> 3

```

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

```

	165	170	175
Ile Ser Glu Val Leu Leu Val Asn Leu Ala Leu Ile Phe Pro Leu Ala			
	180	185	190
Ile Phe Val Met Cys Thr Ser Met Leu Leu Ile Ser Leu Tyr Lys His			
	195	200	205
Thr His Arg Met Gln His Gly Ser His Gly Phe Arg Asn Ala Asn Thr			
	210	215	220
Glu Ala His Ile Asn Ala Leu Lys Thr Val Ile Thr Phe Phe Cys Phe			
225	230	235	240
Phe Ile Ser Tyr Phe Ala Ala Phe Met Thr Asn Met Thr Phe Ser Leu			
	245	250	255
Pro Tyr Arg Ser His Gln Phe Phe Met Leu Lys Asp Ile Met Ala Ala			
	260	265	270
Tyr Pro Ser Gly His Ser Val Ile Ile Ile Leu Ser Asn Ser Lys Phe			
	275	280	285
Gln Gln Ser Phe Arg Arg Ile Leu Cys Leu Lys Lys Lys Leu			
	290	295	300

<210> 4

<211> 910

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R02, hGR02

<400> 4

```

atggccttgt ctttttcagc tattcttcat attatcatga tgtcagcaga attcttcaca 60
gggatcacag taaatggatt tcttatcatt gttaactgta atgaattgat caaacataga 120
aagctaattgc caattcaaat cctcttaatg tgcataaggga tgtctagatt tggctctgcag 180
atggtgttaa tggtaacaag ttttttctct gtgttctttc cactccttta cgtcaaaata 240
atztatggtg cagcaatgat gttcctttgg atgtttttta gctctatcag cctatggttt 300
gccacttgcc tttctgtatt ttactgcctc aagatttcag gcttactca gtcctgtttt 360
ctttggttga aattcaggat cccaaagtta ataccttggc tgcttctggg aagcgttctg 420
gcctctgtga gcattgcac tgtgtgtcga ggtagattac gctaaaaatg tggaagagga 480
tgccctcaga aacaccacac taaaaagag taaaacaaag ataaagaaaa ttagtgaagt 540
gcttcttgtc aacttggcat taatatttcc tctagccata tttgtgatgt gcacttctat 600
gttactcatc tctctttaca agcactca tcggatgcaa catggatctc atggctttag 660
aatgccaac acagaagccc atataaatgc attaaaaaca gtgataacat tcttttgctt 720
ctttatttct tattttgctg ccttcagac aaatatgaca ttagttttac cttacagaag 780
tcaccagttc tttatgctga aggacataat ggcagcatat ccctctggcc actcggttat 840
aataatcttg agtaattcta agttccaaca atcatttaga agaattctct gcctcaaaaa 900
gaaactatga                                     910

```

<210> 5

<211> 316

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R03, hGR03

<400> 5

```

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

```

Thr Met Phe Tyr Pro Ala Gly His Ser Phe Ile Leu Ile Leu Gly Asn
 275 280 285
 Ser Lys Leu Lys Gln Thr Phe Val Val Met Leu Arg Cys Glu Ser Gly
 290 295 300
 His Leu Lys Pro Gly Ser Lys Gly Pro Ile Phe Ser
 305 310 315

<210> 6

<211> 951

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R03, hGR03

<400> 6

```
atgatgggac tcaccgaggg ggtgttcctg attctgtctg gcactcagtt cacactggga 60
attctgggtca attgtttcat tgagttggtc aatggtagca gctggttcaa gaccaagaga 120
atgtctttgt ctgacttcat catcaccacc ctggcactct tgaggatcat tctgctgtgt 180
attatcttga ctgatatgtt tttaatagaa ttctctccca acacacatga ttcagggata 240
ataatgcaaa ttattgatgt ttcctggaca ttacaaacc atctgagcat ttggcttgcc 300
acctgtcttg gtgtcctcta ctgcctgaaa atcgccagtt tctctcacc caccattctc 360
tggtctcaagt ggagagtttc tagggtgatg gtatggatgc tgttgggtgc actgctctta 420
tcctgtggta gtaccgcata tctgatcaat gagtttaagc tctattctgt ctttagggga 480
attgaggcca ccaggaatgt gactgaacac ttcagaaaga agaggagtga gtattatctg 540
atccatgttc ttgggactct gtggtacctg cctcccttaa ttgtgtccct ggccctctac 600
tctttgtcga tcttctccct ggggaggcac acacggcaga tgctgcaaaa tgggacaagc 660
tccagagatc caaccactga ggcccacaag agggccatca gaatcatcct ttccttcttc 720
tttctcttct tactttactt tcttctttt ttaattgcat catttggtta tttcctacca 780
aaaaccaaga tggctaagat gattggcgaa gtaatgaca tgttttatcc tgctggccac 840
tcattttattc tcattctggg gaacagtaag ctgaagcaga catttgtagt gatgctccgg 900
tgtgagtctg gtcattctgaa gcctggatcc aagggaccca ttttctctta g 951
```

<210> 7

<211> 299

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R04, hGR04

<400> 7

Met Leu Arg Leu Phe Tyr Phe Ser Ala Ile Ile Ala Ser Val Ile Leu

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

<210> 8

<211> 900

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R04, hGR04

<400> 8

```

atgcttcggt tattctatct ctctgctatt attgcctcag ttattttaaa tttttagga 60
atcattatga atctgtttat tacagtggtc aattgcaaaa ctgggtcaa aagccataga 120
atctctctct ctgataggat tctgttcagc ctgggcatca ccaggtttct tatgctggga 180
ctatttctgg tgaacaccat ctacttcgtc tcttcaaata cggaagggtc agtctacctg 240
tctgcttttt ttgtgttggt tttcatgttt ttggactcga gcagtgtctg gtttgtgacc 300
ttgctcaata tctgtactg tgtgaagatt actaacttcc aacactcagt gtttctcctg 360
ctgaagcgga atatctcccc aaagatcccc aggtctgtgc tggcctgtgt gctgatttct 420
gctttcacca ctgcctgta catcacgctt agccaggcat caccttttcc tgaacttggtg 480
actacagaa ataacacatc atttaatatc agtgaggga tctgtctttt agtggtttct 540
ttggtcttga gctcatctct ccagttcatc attaatgtga cttctgcttc cttgctaata 600
cactccttga ggagacatat acagaagatg cagaaaaatg ccactgggtt ctggaatccc 660
cagacggaag ctcatgtagg tgctatgaag ctgatgttct atttctcat cctctacatt 720
ccatattcag ttgtaccct ggtccagtat ctcccctttt atgcagggat ggatatgggg 780
accaaatcca tttgtctgat ttttgccacc cttactctc caggacattc tgttctcatt 840
attatcacac atcctaaact gaaaacaaca gcaaagaaga ttctttgttt caaaaaatag 900

```

<210> 9

<211> 299

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R05, hGR05

<400> 9

```

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

```

115	120	125
Cys Leu Leu Gly Tyr Phe Ile	Ile Asn Leu Leu Leu Thr Val Gln Ile	
130	135	140
Gly Leu Thr Phe Tyr His Pro Pro Gln Gly Asn Ser Ser Ile Arg Tyr		
145	150	155
Pro Phe Glu Ser Trp Gln Tyr Leu Tyr Ala Phe Gln Leu Asn Ser Gly		
165	170	175
Ser Tyr Leu Pro Leu Val Val Phe Leu Val Ser Ser Gly Met Leu Ile		
180	185	190
Val Ser Leu Tyr Thr His His Lys Lys Met Lys Val His Ser Ala Gly		
195	200	205
Arg Arg Asp Val Arg Ala Lys Ala His Ile Thr Ala Leu Lys Ser Leu		
210	215	220
Gly Cys Phe Leu Leu Leu His Leu Val Tyr Ile Met Ala Ser Pro Phe		
225	230	235
Ser Ile Thr Ser Lys Thr Tyr Pro Pro Asp Leu Thr Ser Val Phe Ile		
245	250	255
Trp Glu Thr Leu Met Ala Ala Tyr Pro Ser Leu His Ser Leu Ile Leu		
260	265	270
Ile Met Gly Ile Pro Arg Val Lys Gln Thr Cys Gln Lys Ile Leu Trp		
275	280	285
Lys Thr Val Cys Ala Arg Arg Cys Trp Gly Pro		
290	295	

<210> 10

<211> 900

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R05, hGR05

<400> 10

```

atgctgagcg ctggcctagg actgctgatg ctggtggcag tggttgaatt tctcatcggt 60
ttaattggaa atggaagcct ggtggtctgg agttttagag aatggatcag aaaattcaac 120
tggtcctcat ataacctcat taccctgggc ctggctggct gccgatttct cctgcagtgg 180
ctgatcattt tggacttaag cttgtttcca cttttccaga gcagccgttg gcttcgctat 240
cttagtatct tctgggtcct ggtaagccag gccagcttat ggtttgccac cttcctcagt 300
gtcttctatt gcaagaagat caccaccttc gatcgcccg cctacttggt gctgaagcag 360
agggcctata acctgagtct ctggtgcctt ctgggctact ttataatcaa tttgttactt 420
acagtccaaa ttggcttaac attctatcat cctccccaag gaaacagcag cattcggtat 480
ccctttgaaa gctggcagta cctgtatgca tttcagctca attcaggaag ttatttgctt 540
ttagtggtgt ttcttggttc ctctgggatg ctgattgtct ctttgataac acaccacaag 600
aagatgaagg tccattcagc tggtaggagg gatgtccggg ccaaggctca catcactgcg 660

```

ctgaagtcct tgggctgctt cctcttactt cacctggttt atatcatggc cagccccttc 720
 tccatcacct ccaagactta tcctcctgat ctcaccagtg tcttcatctg ggagacactc 780
 atggcagcct atccttctct tcattctctc atattgatca tggggattcc tagggtgaag 840
 cagacttgct agaagatcct gtggaagaca gtgtgtgctc ggagatgctg gggcccatga 900

<210> 11

<211> 287

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R06, hGR06

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1).. (287)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 11

Met	Leu	Ala	Ala	Ala	Leu	Gly	Leu	Leu	Met	Pro	Ile	Ala	Gly	Ala	Glu
1				5					10					15	
Phe	Leu	Ile	Gly	Leu	Val	Gly	Asn	Gly	Val	Pro	Val	Val	Cys	Ser	Phe
			20					25					30		
Arg	Gly	Trp	Val	Lys	Lys	Met	Xaa	Gly	Val	Pro	Ile	Asn	Ser	His	Asp
			35				40					45			
Ser	Gly	Lys	Xaa	Pro	Leu	Ser	Pro	Thr	Gln	Ala	Asp	His	Val	Gly	His
			50			55					60				
Lys	Ser	Val	Ser	Thr	Phe	Pro	Glu	Gln	Trp	Leu	Ala	Leu	Leu	Ser	Xaa
			65		70				75					80	
Cys	Leu	Arg	Val	Leu	Val	Ser	Gln	Ala	Asn	Met	Xaa	Phe	Ala	Thr	Phe
			85					90					95		
Phe	Ser	Gly	Phe	Cys	Cys	Met	Glu	Ile	Met	Thr	Phe	Val	Xaa	Xaa	Xaa
			100					105					110		
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
			115					120					125		
Xaa	Leu	Leu	Val	Ser	Phe	Lys	Ile	Thr	Phe	Tyr	Phe	Ser	Ala	Leu	Val
			130				135					140			
Gly	Trp	Thr	Leu	Xaa	Lys	Pro	Leu	Thr	Gly	Asn	Ser	Asn	Ile	Leu	His
			145			150				155				160	
Pro	Ile	Leu	Asn	Leu	Leu	Phe	Leu	Xaa	Ile	Ala	Val	Gln	Xaa	Arg	Arg
			165					170					175		
Leu	Ile	Ala	Ile	Cys	Asp	Val	Ser	Val	Pro	Leu	Val	Phe	Leu	Xaa	Arg
			180					185					190		

His His Arg Lys Met Glu Asp His Thr Ala Val Arg Arg Arg Leu Lys
 195 200 205
 Pro Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 210 215 220
 Xaa Leu Tyr Met Val Ser Ala Leu Ala Arg His Phe Ser Met Thr Phe
 225 230 235 240
 Xaa Ser Pro Ser Asp Leu Thr Ile Leu Ala Ile Ser Ala Thr Leu Met
 245 250 255
 Ala Val Tyr Thr Ser Phe Pro Ser Ile Val Met Val Met Arg Asn Gln
 260 265 270
 Thr Cys Gln Arg Ile Leu Xaa Glu Met Ile Cys Thr Trp Lys Ser
 275 280 285

<210> 12

<211> 823

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R06, hGR06

<400> 12

atgttggcgg ctgccctagg attgctgatg cccattgcag gggctgaatt tctcattggc 60
 ctggttggaa atggagtcct tgtggtctgc agtttttagag gatgggtcaa aaaaatgtaa 120
 ggagtcctta taaattctca tgattctggt aagtagccac tttctcctac tcaggccgat 180
 catgttggac ataagtctgt ttccactttc ccagagcagt ggttggcttt actatcttaa 240
 tgtcttcgag tcttggttaag ccaggccaac atgtagtttg ccactttctt cagtggcttc 300
 tgctgcatgg agatcatgac ctttgtcccg ctgacttctt gtagctgaaa agactgggtt 360
 tttgtttttt gctagtgtct ttcaagatca ctttttattt ctgagctctt gttggctgga 420
 ccccttaaaa acccttaaca ggaaacagca acatcctgca tccatttta aatctgttat 480
 ttttatagat tgctgtccag tgaaggagac tgattgctat ttgtgatgtt tctgttccac 540
 ttgtcttttt gtaaagacat cacaggaaga tggaggacca cacagctgtc aggaggaggc 600
 tcaaaccaag gtgtcatcg ctctgaactt ccccttttac atggtttctg ccttggccag 660
 acacttttcc atgaccttct aatctcctc tgatctcacc attcttgcca tctctgcaac 720
 actcatggct gtttatactt catttccgtc tattgtaatg gttatgagga atcagacttg 780
 tcagagaatt ctgtaggaga tgatatgtac atggaaatcc tag 823

<210> 13

<211> 318

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R07, hGR07

<400> 13

```

Met Ala Asp Lys Val Gln Thr Thr Leu Leu Phe Leu Ala Val Gly Glu
 1           5           10          15
Phe Ser Val Gly Ile Leu Gly Asn Ala Phe Ile Gly Leu Val Asn Cys
          20          25          30
Met Asp Trp Val Lys Lys Arg Lys Ile Ala Ser Ile Asp Leu Ile Leu
          35          40          45
Thr Ser Leu Ala Ile Ser Arg Ile Cys Leu Leu Cys Val Ile Leu Leu
          50          55          60
Asp Cys Phe Ile Leu Val Leu Tyr Pro Asp Val Tyr Ala Thr Gly Lys
          65          70          75          80
Glu Met Arg Ile Ile Asp Phe Phe Trp Thr Leu Thr Asn His Leu Ser
          85          90          95
Ile Trp Phe Ala Thr Cys Leu Ser Ile Tyr Tyr Phe Phe Lys Ile Gly
          100         105         110
Asn Phe Phe His Pro Leu Phe Leu Trp Met Lys Trp Arg Ile Asp Arg
          115         120         125
Val Ile Ser Trp Ile Leu Leu Gly Cys Val Val Leu Ser Val Phe Ile
          130         135         140
Ser Leu Pro Ala Thr Glu Asn Leu Asn Ala Asp Phe Arg Phe Cys Val
          145         150         155         160
Lys Ala Lys Arg Lys Thr Asn Leu Thr Trp Ser Cys Arg Val Asn Lys
          165         170         175
Thr Gln His Ala Ser Thr Lys Leu Phe Leu Asn Leu Ala Thr Leu Leu
          180         185         190
Pro Phe Cys Val Cys Leu Met Ser Phe Phe Leu Leu Ile Leu Ser Leu
          195         200         205
Arg Arg His Ile Arg Arg Met Gln Leu Ser Ala Thr Gly Cys Arg Asp
          210         215         220
Pro Ser Thr Glu Ala His Val Arg Ala Leu Lys Ala Val Ile Ser Phe
          225         230         235         240
Leu Leu Leu Phe Ile Ala Tyr Tyr Leu Ser Phe Leu Ile Ala Thr Ser
          245         250         255
Ser Tyr Phe Met Pro Glu Thr Glu Leu Ala Val Ile Phe Gly Glu Ser
          260         265         270
Ile Ala Leu Ile Tyr Pro Ser Ser His Ser Phe Ile Leu Ile Leu Gly
          275         280         285
Asn Asn Lys Leu Arg His Ala Ser Leu Lys Val Ile Trp Lys Val Met
          290         295         300
Ser Ile Leu Lys Gly Arg Lys Phe Gln Gln His Lys Gln Ile
          305         310         315

```

<210> 14

<211> 957

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R07, hGR07

<400> 14

```

atggcagata aagtcagac tactttattg ttcttagcag ttggagagtt ttcagtgggg 60
atcttaggga atgcattcat tggattggtg aactgcatgg actgggtcaa gaagaggaaa 120
attgcctcca ttgatttaat cctcacaagt ctggccatat ccagaatttg tctattgtgc 180
gtaatactat tagattgttt tatattggtg ctatatccag atgtctatgc cactggtaaa 240
gaaatgagaa tcattgactt cttctggaca ctaaccaatc atttaagtat ctggtttgca 300
acctgcctca gcatttacta tttcttcaag atagtaatt tctttcacc cttttcctc 360
tggaatgaag ggagaattga cagggtgatt tcctggattc tactgggggtg cgtggttctc 420
tctgtgttta ttagccttcc agccactgag aatttgaacg ctgatttcag gttttgtgtg 480
aaggcaaaga ggaaaacaaa cttaacttgg agttgcagag taaataaaac tcaacatgct 540
tctaccaagt tatttctcaa cctggcaacg ctgctcccct ttgtgtgtg cctaatgtcc 600
tttttctct tgatcctctc cctgcggaga catatcaggc gaatgcagct cagtgcaca 660
gggtgcagag accccagcac agaagccat gtgagagccc tgaaagctgt catttcctc 720
cttctcctct ttattgccta ctatttgtcc tttctcattg ccacctccag ctactttatg 780
ccagagacgg aattagctgt gatttttggt gagtccatag ctctaacta cccctcaagt 840
cattcattta tcctaatact ggggaacaat aaattaagac atgcatctct aaaggtgatt 900
tggaagtaa tgtctattct aaaaggaaga aaattccaac aacataaaca aatctga 957

```

<210> 15

<211> 309

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R08, hGR08

<400> 15

```

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

```

Asn Gly Ile Val Ile Val Leu Asn Pro Asp Val Tyr Thr Lys Asn Lys
 65 70 75 80
 Gln Gln Ile Val Ile Phe Thr Phe Trp Thr Phe Ala Asn Tyr Leu Asn
 85 90 95
 Met Trp Ile Thr Thr Cys Leu Asn Val Phe Tyr Phe Leu Lys Ile Ala
 100 105 110
 Ser Ser Ser His Pro Leu Phe Leu Trp Leu Lys Trp Lys Ile Asp Met
 115 120 125
 Val Val His Trp Ile Leu Leu Gly Cys Phe Ala Ile Ser Leu Leu Val
 130 135 140
 Ser Leu Ile Ala Ala Ile Val Leu Ser Cys Asp Tyr Arg Phe His Ala
 145 150 155 160
 Ile Ala Lys His Lys Arg Asn Ile Thr Glu Met Phe His Val Ser Lys
 165 170 175
 Ile Pro Tyr Phe Glu Pro Leu Thr Leu Phe Asn Leu Phe Ala Ile Val
 180 185 190
 Pro Phe Ile Val Ser Leu Ile Ser Phe Phe Leu Leu Val Arg Ser Leu
 195 200 205
 Trp Arg His Thr Lys Gln Ile Lys Leu Tyr Ala Thr Gly Ser Arg Asp
 210 215 220
 Pro Ser Thr Glu Val His Val Arg Ala Ile Lys Thr Met Thr Ser Phe
 225 230 235 240
 Ile Phe Phe Phe Phe Leu Tyr Tyr Ile Ser Ser Ile Leu Met Thr Phe
 245 250 255
 Ser Tyr Leu Met Thr Lys Tyr Lys Leu Ala Val Glu Phe Gly Glu Ile
 260 265 270
 Ala Ala Ile Leu Tyr Pro Leu Gly His Ser Leu Ile Leu Ile Val Leu
 275 280 285
 Asn Asn Lys Leu Arg Gln Thr Phe Val Arg Met Leu Thr Cys Arg Lys
 290 295 300
 Ile Ala Cys Met Ile
 305

<210> 16

<211> 930

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R08, hGR08

<400> 16

atgttcagtc ctgcagataa catctttata atcctaataa ctggagaatt catactagga 60

```

atattgggga atggatacat tgcactagtc aactggattg actggattaa gaagaaaaag 120
atttccacag ttgactacat ccttaccaat ttagttatcg ccagaatttg tttgatcagt 180
gtaatggttg taaatggcat tgtaatagta ctgaaccag atgtttatac aaaaaataaa 240
caacagatag tcatttttac cttctggaca ttgccaact acttaaatat gtggattacc 300
acctgcctta atgtcttcta tttctgaag atagccagtt cctctcatcc actttttctc 360
tggtctgaagt ggaaaattga tatggtggtg cactggatcc tgctgggatg ctttgccatt 420
tccttggttg tcagccttat agcagcaata gtactgagtt .gtgattatag gtttcatgca 480
attgccaaac ataaagaaa cattactgaa atgttccatg tgagtaaaat accatacttt 540
gaacccttga ctctctttaa cctgtttgca attgtccat ttattgtgtc actgatatca 600
tttttccttt tagtaagatc tttatggaga cataccaagc aaataaaact ctatgctacc 660
ggcagtagag accccagcac agaagttcat gtgagagcca ttaaaactat gacttcattt 720
atcttctttt ttttctata ctatatttct tctattttga tgaccttag ctatcttatg 780
acaaaataca agttagctgt ggagtttga gagattgcag caattctcta ccccttggtg 840
cactcactta ttttaattgt tttaaataat aaactgaggc agacatttgt cagaatgctg 900
acatgtagaa aaattgcctg catgatatga 930

```

<210> 17

<211> 312

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R09, hGR09

<400> 17

```

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

```

Ser Val Pro Lys Asn Asp Asp Met Trp Tyr His Leu Phe Lys Val Ser
 145 150 155 160
 His Glu Glu Asn Ile Thr Trp Lys Phe Lys Val Ser Lys Ile Pro Gly
 165 170 175
 Thr Phe Lys Gln Leu Thr Leu Asn Leu Gly Val Met Val Pro Phe Ile
 180 185 190
 Leu Cys Leu Ile Ser Phe Phe Leu Leu Leu Phe Ser Leu Val Arg His
 195 200 205
 Thr Lys Gln Ile Arg Leu His Ala Thr Gly Phe Arg Asp Pro Ser Thr
 210 215 220
 Glu Ala His Met Arg Ala Ile Lys Ala Val Ile Ile Phe Leu Leu Leu
 225 230 235 240
 Leu Ile Val Tyr Tyr Pro Val Phe Leu Val Met Thr Ser Ser Ala Leu
 245 250 255
 Ile Pro Gln Gly Lys Leu Val Leu Met Ile Gly Asp Ile Val Thr Val
 260 265 270
 Ile Phe Pro Ser Ser His Ser Phe Ile Leu Ile Met Gly Asn Ser Lys
 275 280 285
 Leu Arg Glu Ala Phe Leu Lys Met Leu Arg Phe Val Lys Cys Phe Leu
 290 295 300
 Arg Arg Arg Lys Pro Phe Val Pro
 305 310

<210> 18

<211> 939

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R09, hGR09

<400> 18

atgccaagtg caatagaggc aatatatatt attttaattg ctggtgaatt gaccataggg 60
 atttggggaa atggattcat tgtactagtt aactgcattg actggctcaa aagaagagat 120
 atttccttga ttgacatcat cctgatcagc ttggccatct ccagaatctg tctgctgtgt 180
 gtaatatcat tagatggctt ctttatgctg ctctttccag gtacatatgg caatagcgtg 240
 ctagtaagca ttgtgaatgt tgtctggaca tttgccaata attcaagtct ctggtttact 300
 tcttgccctca gtatcttcta tttactcaag atagccaata tatcgacccc atttttcttc 360
 tggctgaagc taaagatcaa caaggtcatg cttgcgattc ttctggggtc ctttcttattc 420
 tctttaatta ttagtggttc aaagaatgat gatatgtggt atcacctttt caaagtcagt 480
 catgaagaaa acattacttg gaaattcaaa gtgagtaaaa ttccaggtac tttcaaacag 540
 ttaaccctga acctgggggt gatggttccc tttatccttt gcctgatctc atttttcttg 600
 ttacttttct ccctagttag acacaccaag cagattcgac tgcattgctac agggttcaga 660
 gacccagta cagaggcca catgagggcc ataaaggcag tgatcatctt tctgctctc 720

ctcatcgtgt actaccagct ctttcttggt atgacctcta gcgctctgat tcctcaggga 780
 aaattagtgt tgatgattgg tgacatagta actgtcattt tcccatcaag ccattcattc 840
 attctaatta tgggaaatag caagttgagg gaagcttttc tgaagatggt aagatttgtg 900
 aagtgtttcc ttagaagaag aaagcctttt gttccatag 939

<210> 19

<211> 307

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R10, hGR10

<400> 19

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

225	230	235	240
Ile Gly Met Ala Ile Glu Ile Ser Cys Phe Thr Val Arg Glu Asn Lys			
	245	250	255
Leu Leu Leu Met Phe Gly Met Thr Thr Thr Ala Ile Tyr Pro Trp Gly			
	260	265	270
His Ser Phe Ile Leu Ile Leu Gly Asn Ser Lys Leu Lys Gln Ala Ser			
	275	280	285
Leu Arg Val Leu Gln Gln Leu Lys Cys Cys Glu Lys Arg Lys Asn Leu			
	290	295	300
Arg Val Thr			
305			

<210> 20

<211> 924

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R10, hGR10

<400> 20

```

atgtctacgtg tagtgggaagg catcttcatt tttgttgtag ttagtgagtc agtgtttggg 60
gttttgggga atggatttat tggacttgta aactgcattg actgtgccaa gaataagtta 120
tctacgattg gctttattct caccggctta gctatttcaa gaatcttct gatatggata 180
ataattacag atggatttat acagatatc tctccaaata tatatgcctc cggtaaccta 240
attgaatata ttagttactt ttgggtaatt ggtaatcaat caagtatgtg gtttgccacc 300
agcctcagca tcttctatct cctgaagata gcaaattttt ccaactacat atttctcttg 360
ttgaagagca gaacaaatat ggttcttccc ttcattgatag tattcttact ttttcatcg 420
ttacttaatt ttgcatacat tgcaagatt cttaatgatt ataaaacgaa gaatgacaca 480
gtctgggatc tcaacatgta taaaagttaa tactttatta aacagatttt gctaaatctg 540
ggagtcattt tcttctttac actatcccta attacatgta ttttttaaat catttccctt 600
tggagacaca acaggcagat gcaatcgaat gtgacaggat tgagagactc caacacagaa 660
gctcatgtga aggcaatgaa agttttgata tctttcatca tcctctttat cttgtatctt 720
ataggcatgg ccatagaaat atcatgtttt actgtgcgag aaaacaaact gctgcttatg 780
tttggaatga caaccacagc catctatccc tggggtcact catttatctt aattctagga 840
aacagcaagc taaagcaagc ctctttgagg gtactgcagc aattgaagtg ctgtgagaaa 900
aggaaaaatc tcagagtcac atag 924

```

<210> 21

<211> 245

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R11, hGR11

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1).. (245)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 21

```

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

```

<210> 22

<211> 315

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R12, hGR12

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1).. (315)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 22

```

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

```

Leu Leu Asp Phe Val Ala Ala Arg Thr Phe Ser Ser Val Leu Val Phe
 260 265 270
 Phe His Pro Ser Gly His Ser Phe Leu Leu Ile Leu Arg Asp Ser Lys
 275 280 285
 Leu Lys Gln Ala Ser Leu Cys Val Leu Lys Lys Met Lys Tyr Ala Lys
 290 295 300
 Lys Asp Ile Ile Ser His Phe Tyr Lys His Ala
 305 310 315

<210> 23

<211> 948

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R12, hGR12

<400> 23

atgtcaagca tttgggagac actgtttata agaattcttg tagtgtaatt cataatgggg 60
 actgtgggaa attgattcat tgtattggtt aatatcattg actgaatcag gaactgaaag 120
 gtctccctga ttgattttat tctcaactgc ttggccatct ccaggatatg tttcctgtag 180
 ataacaattt tagttacctc tttcaatata ggctatgaga aaatgcctga ttctaagaat 240
 ctgacagtaa gttttgacat tctctggaca ggatccagct atttctgcct gtctgtgacc 300
 acttgcctca gtgtcttcta tttcctcaag gtagccaact tctccaatcc cattttcctc 360
 tggatgaaat ggaaaattca caaggtgctt ctctttattg tactagaggc aacgatctct 420
 ttctgcacaa ctccattctt gaaggaaata ataattaata gtttaatcta agaacgggta 480
 acaataaaag gcaacttgac atttaattat atggatacca tgcattgatt cacttctctg 540
 tttctccttc agatgatgtt catccttcct tttgtggaaa cactggcttc cattcttctc 600
 ttaatctctt cttatggag ccacaccagg cagatgaagc tacatgggat ttattccagg 660
 gatccagca cagaagccca tgtaaacct ataaaagcta taatttcatt tctactcctc 720
 tttattgtgc attatttcat cagtatcata ctaacattgg cctgtcctct tctagacttc 780
 gttgcggcaa ggacttttag tagtgtgctg gtatttttcc atccatctgg ccattcattt 840
 cttctaattt tacgggacag caaactgaag caagcttctc tctgtgtcct gaagaagatg 900
 aagtatgcca aaaaggacat aatctctcat tttataaac atgcctga 948

<210> 24

<211> 303

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R13, hGR13

<400> 24

```

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

```

<210> 25

<211> 912

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R13, hGR13

<400> 25

```

atggaaagtg ccctgccgag tatcttcact cttgtaataa ttgcagaatt cataattggg 60
aatttgagca atggatttat agtactgac aactgcattg actgggtcag taaaagagag 120
ctgtcctcag tcgataaact cctcattatc ttggcaatct ccagaattgg gctgatctgg 180
gaaatattag taagtgggtt tttagctctg cattatctag ccatatttgt gtctggaaca 240
ggattaagaa ttatgatttt tagctggata gtttctaate acttcaatct ctggcttgct 300
acaatcttca gcatctttta tttgctcaaa atagcgagtt tctctagccc tgcttttctc 360
tatttgaagt ggagagtaaa caaagtgatt ctgatgatac tgctaggaac cttgggtcttc 420
ttatttttaa atctgataca aataaacatg catataaaag actggctgga ccgatatgaa 480
agaaacacaa cttggaattt cagtatgagt gactttgaaa cattttcagt gtcggtcaaa 540
ttcactatga ctatgttcag tctaacacca tttactgtgg ccttcatctc ttttctcctg 600
ttaattttct ccctgcagaa acatctccag aaaatgcaac tcaattacaa aggacacaga 660
gacccacagga ccaaggtcca tacaaatgcc ttgaaaattg tgatctcatt ccttttattc 720
tatgctagtt tctttctatg tgttctcata tcatggattt ctgagctgta tcagaacaca 780
gtgatctaca tgctttgtga gacgattgga gtcttctctc cttcaagcca ctcctttctt 840
ctgattctag gaaacgctaa gttaagacag gcctttcttt tgggtggcagc taaggatatg 900
gctaaacgat ga 912

```

<210> 26

<211> 317

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R14, hGR14

<400> 26

```

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

```

Val Trp Leu Ala Thr Gly Leu Gly Thr Phe Tyr Phe Leu Lys Ile Ala
 100 105 110
 Asn Phe Ser Asn Ser Ile Phe Leu Tyr Leu Lys Trp Arg Val Lys Lys
 115 120 125
 Val Val Leu Val Leu Leu Leu Val Thr Ser Val Phe Leu Phe Leu Asn
 130 135 140
 Ile Ala Leu Ile Asn Ile His Ile Asn Ala Ser Ile Asn Gly Tyr Arg
 145 150 155 160
 Arg Asn Lys Thr Cys Ser Ser Asp Ser Ser Asn Phe Thr Arg Phe Ser
 165 170 175
 Ser Leu Ile Val Leu Thr Ser Thr Val Phe Ile Phe Ile Pro Phe Thr
 180 185 190
 Leu Ser Leu Ala Met Phe Leu Leu Leu Ile Phe Ser Met Trp Lys His
 195 200 205
 Arg Lys Lys Met Gln His Thr Val Lys Ile Ser Gly Asp Ala Ser Thr
 210 215 220
 Lys Ala His Arg Gly Val Lys Ser Val Ile Thr Phe Phe Leu Leu Tyr
 225 230 235 240
 Ala Ile Phe Ser Leu Ser Phe Phe Ile Ser Val Trp Thr Ser Glu Arg
 245 250 255
 Leu Glu Glu Asn Leu Ile Ile Leu Ser Gln Val Met Gly Met Ala Tyr
 260 265 270
 Pro Ser Cys His Ser Cys Val Leu Ile Leu Gly Asn Lys Lys Leu Arg
 275 280 285
 Gln Ala Ser Leu Ser Val Leu Leu Trp Leu Arg Tyr Met Phe Lys Asp
 290 295 300
 Gly Glu Pro Ser Gly His Lys Glu Phe Arg Glu Ser Ser
 305 310 315

<210> 27

<211> 954

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R14, hGR14

<400> 27

atgggtgggtg tcataaagag catatttaca ttggttttaa ttgtggaatt tataattgga 60
 aatttaggaa atagtttcat agcactgggtg aactgtattg actgggtcaa gggaagaaag 120
 atctcttcgg ttgatcggat cctcactgct ttggcaatct ctggaattag cctggtttgg 180
 ttaatatcgc gaagctgggtg tgtgtctgtg tttttcccag ctttatttgc cactgaaaaa 240
 atgttcagaa tgcttactaa tatctggaca gtgatcaatc attttagtgt ctggttagct 300

```

acaggcctcg gtacttttta ttttctcaag atagccaatt tttctaactc tatttttctc 360
tacctaaagt ggagggttaa aaagggtggtt ttggtgctgc ttcttgtagc ttcggtcttc 420
ttgtttttaa atattgcact gataaacatc catataaatg ccagtatcaa tggatacaga 480
agaaacaaga cttgcagttc tgattcaagt aactttacac gattttccag tcttattgta 540
ttaaccagca ctgtgttcac tttcataccc tttactttgt ccttggaat gtttcttctc 600
ctcatcttct ccatgtggaa acatcgcaag aagatgcagc aactgtcaa aatatccgga 660
gacgccagca ccaaagccca cagaggagtt aaaagtgtga tcactttctt cctactctat 720
gccattttct ctctgtcttt tttcatatca gtttggacct ctgaaagggt ggaggaaaat 780
ctaattattc tttccaggt gatgggaatg gcttatcctt catgtcactc atgtgttctg 840
attcttggaa acaagaagct gagacaggcc tctctgtcag tgctactgtg gctgaggtac 900
atgttcaaag atggggagcc ctcaggtcac aaagaattta gagaatcatc ttga      954

```

<210> 28

<211> 300

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R15, hGR15

<220>

<221> MOD_RES

<222> (257)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 28

```

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

```

```

      130              135              140
Val Val Val Asn Met Asp Glu Ser Met Trp Thr Lys Glu Tyr Glu Gly
145              150              155              160
Asn Val Ser Trp Glu Ile Lys Leu Ser Asp Pro Thr His Leu Ser Asp
      165              170              175
Met Thr Val Thr Thr Leu Ala Asn Leu Ile Pro Phe Thr Leu Ser Leu
      180              185              190
Leu Ser Phe Leu Leu Leu Ile Cys Ser Leu Cys Lys His Leu Lys Lys
      195              200              205
Met Gln Phe His Gly Lys Gly Ser Pro Asp Ser Asn Thr Lys Val His
      210              215              220
Ile Lys Ala Leu Gln Thr Val Thr Ser Phe Leu Leu Leu Phe Ala Val
225              230              235              240
Tyr Phe Leu Ser Leu Ile Thr Ser Ile Trp Asn Phe Arg Arg Arg Leu
      245              250              255
Xaa Asn Glu Pro Val Leu Met Leu Ser Gln Thr Thr Ala Ile Ile Tyr
      260              265              270
Pro Ser Phe His Ser Phe Ile Leu Ile Trp Gly Ser Lys Lys Leu Lys
      275              280              285
Gln Thr Phe Leu Leu Ile Leu Cys Gln Ile Lys Cys
      290              295              300

```

<210> 29

<211> 903

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R15, hGR15

<400> 29

```

atgataactt ttctacccat cattttttcc attctagtag tggttacatt tgttcttggg 60
aattttgcta atggcttcat agtggttgga aattccattg agtgggtcaa gagacaaaag 120
atctcctttg ctgaccaaatt tctcactgct ctggcagtct ccagagttgg tttgctctgg 180
gtaatattat tacattggta tgcaactggt ttgaatccag gttcatatag tttaggagta 240
agaattacta ctattaatgc ctgggctgta accaaccatt tcagcatctg ggttgctact 300
agcctcagca tattttattt cctcaagatt gccaatctct ccaactttat tttctttcac 360
ttaaaaagga gaattaagag tgtcattcca gtgatactat tggggtcttt gttatttttg 420
gtttgtcatc ttgttggtgt aaacatggat gagagtatgt ggacaaaaga atatgaagga 480
aacgtgagtt gggagatcaa attgagtgat ccgacgcacc tttcagatat gactgtaacc 540
acgcttgcaa acttaatacc ctttactctg tccctgttat cttttctgct cttaatctgt 600
tctttgtgta aacatctcaa gaagatgcag ttccatggca aaggatctcc agattccaac 660
accaaggtcc acataaaagc tttgcaaagc gtgacctcct tcctcttggt atttgctggt 720
tactttctgt ccctaatacac atcgatttgg aatttttagga ggaggctgta gaacgaacct 780

```

```

gtcctcatgc tcagccaaac tactgcaatt atataccctt catttcattc attcatccta 840
atttggggaa gcaagaagct gaaacagacc tttcttttga ttttgtgtca gattaagtgc 900
tga 903

```

<210> 30

<211> 291

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R16, hGR16

<400> 30

```

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

```

Leu Thr Ile Leu Ile Thr Ile Ile Gly Thr Leu Phe Asp Lys Arg Cys
245 250 255

Trp Leu Trp Val Trp Glu Ala Phe Val Tyr Ala Phe Ile Leu Met His
260 265 270

Ser Thr Ser Leu Met Leu Ser Ser Pro Thr Leu Lys Arg Ile Leu Lys
275 280 285

Gly Lys Cys
290

```
<210> 31
<211> 876
<212> DNA
<213> 人类(Homo sapiens)
```

<223> 人 T2R16, hGR16

<400> 31							
atgataccca	tccaactcac	tgtcttcttc	atgatcatct	atgtgcttga	gtccttgaca	60	
attattgtgc	agagcagcct	aattgttgca	gtgctgggca	gagaatggct	gcaagtcaga	120	
aggctgatgc	ctgtggacat	gattctcatc	agcctgggca	tctctcgctt	ctgtctacag	180	
tgggcatcaa	tgctgaacaa	tttttgctcc	tattttaatt	tgaattatgt	actttgcaac	240	
ttaacaatca	cctgggaatt	ttttaatatc	cttacattct	ggttaaacag	cttgcttacc	300	
gtgttctact	gcatacaagg	ctcttctttc	acccatcaca	tctttctctg	gctgagggtg	360	
agaattttga	ggttggtttc	ctggatatta	ctgggttctc	tgatgattac	ttgtgtaaca	420	
atcatccctt	cagctattgg	gaattacatt	caaattcagt	tactcaccat	ggagcatcta	480	
ccaagaaaca	gcactgtaac	tgacaaactt	gaaaattttc	atcagtatca	gttccaggct	540	
catacagttg	cattggttat	tcctttcatc	ctgttcctgg	cctccaccat	ctttctcatg	600	
gcatactga	ccaagcagat	acaacatcat	agcactggtc	actgcaatcc	aagcatgaaa	660	
gcgcgcttca	ctgccctgag	gtcccttgcc	gtcttattta	ttgtgtttac	ctcttacttt	720	
ctaaccatac	tcatacccat	tatagg tact	ctatttgata	agagatgttg	gttatgggtc	780	
tgggaagctt	ttgtctatgc	tttcatctta	atgcattcca	cttactgat	gctgagcagc	840	
cctacgttga	aaaggattct	aaagggaaag	tgctag			876	

<210> 32
 <211> 330
 <212> PRT
 <213> 人类(Homo sapiens)

<223> 人 T2R17, hGR17

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1).. (330)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 32

```

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

```

305 310 315 320
 Val Leu Cys Gln Val Thr Cys Trp Val Lys
 325 330

<210> 33
 <211> 314
 <212> PRT
 <213> 人类(Homo sapiens)

<220>
 <223> 人 T2R18, hGR18

<220>
 <221> MOD_RES
 <222> (98)
 <223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 33
 Met Phe Val Gly Ile Asn Ile Phe Phe Leu Val Val Ala Thr Arg Gly
 1 5 10 15
 Leu Val Leu Gly Met Leu Gly Asn Gly Leu Ile Gly Leu Val Asn Cys
 20 25 30
 Ile Glu Trp Ala Lys Ser Trp Lys Val Ser Ser Ala Asp Phe Ile Leu
 35 40 45
 Thr Ser Leu Ala Ile Val Arg Ile Ile Arg Leu Tyr Leu Ile Leu Phe
 50 55 60
 Asp Ser Phe Ile Met Val Leu Ser Pro His Leu Tyr Thr Ile Arg Lys
 65 70 75 80
 Leu Val Lys Leu Phe Thr Ile Leu Trp Ala Leu Ile Asn Gln Leu Ser
 85 90 95
 Ile Xaa Phe Ala Thr Cys Leu Ser Ile Phe Tyr Leu Leu Lys Ile Ala
 100 105 110
 Asn Phe Ser His Ser Leu Phe Leu Trp Leu Lys Trp Arg Met Asn Gly
 115 120 125
 Met Ile Val Met Leu Leu Ile Leu Ser Leu Phe Leu Leu Ile Phe Asp
 130 135 140
 Ser Leu Val Leu Glu Ile Phe Ile Asp Ile Ser Leu Asn Ile Ile Asp
 145 150 155 160
 Lys Ser Asn Leu Thr Leu Tyr Leu Asp Glu Ser Lys Thr Leu Tyr Asp
 165 170 175
 Lys Leu Ser Ile Leu Lys Thr Leu Leu Ser Leu Thr Tyr Val Ile Pro
 180 185 190
 Phe Leu Leu Thr Leu Thr Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Ser Leu Val
 195 200 205

Arg His Thr Lys Asn Leu Gln Leu Asn Ser Leu Gly Ser Arg Asp Ser
 210 215 220
 Ser Thr Glu Ala His Lys Arg Ala Met Lys Met Val Ile Ala Phe Leu
 225 230 235 240
 Leu Leu Phe Ile Ile Asn Phe Ile Ser Thr Leu Ile Gly Asp Trp Ile
 245 250 255
 Phe Leu Glu Val Glu Asn Tyr Gln Val Met Met Phe Ile Met Met Ile
 260 265 270
 Leu Leu Ala Phe Pro Ser Gly His Ser Phe Ile Ile Ile Leu Gly Asn
 275 280 285
 Asn Lys Leu Arg Gln Ser Ser Leu Arg Leu Leu Trp His Leu Lys Phe
 290 295 300
 Ser Leu Lys Lys Ala Lys Pro Leu Thr Ser
 305 310

<210> 34

<211> 945

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R18, hGR18

<400> 34

atgttcgttg gaattaatat tttctttctg gtggtggcaa caagaggact tgtcttagga 60
 atgctgggaa acgggctcat tggactggta aactgcattg agtgggccaa gagttggaag 120
 gtctcatcag ctgatttcat cctcaccagc ttggctatag tcagaatcat tcgactgtat 180
 ttaatactat ttgattcatt tataatggta ttgtccctc atctatatac catccgtaaa 240
 ctagtaaaac tgtttactat tctttgggca ttaattaatc agttaagtat ctagtttgcc 300
 acctgcctaa gcattttcta cttgcttaag atagccaatt tctccactc ccttttcctc 360
 tggctgaagt ggagaatgaa cggaatgatt gttatgcttc ttatatgtc tttgttctta 420
 ctgatttttg acagtttagt gctagaaata tttattgata tctcactcaa tataatagat 480
 aaaagtaatc tgactttata tttagatgaa agtaaaactc tctatgataa actctctatt 540
 ttaaaaactc ttctcagctt gacatacgtt attcccttct ttctgactct gacctctttg 600
 ctctttttat ttatatcctt agtgagacac accaagaatt tgcagctcaa ctctctgggc 660
 tcaagggact ccagcacaga ggcccataaa agggccatga aaatggtgat agccttcctc 720
 ctctttttta ttattaactt tatttccact ttaataggag attggatctt ccttgaggta 780
 gagaattatc aggtcatgat gtttattatg atgattttac ttgcctttcc ctcaggccac 840
 tcatttatta taattttggg aaacaacaag ctaagacaga gtccttgag actactgtgg 900
 catcttaaat tctctctgaa aaaagcaaaa cctttaactt catag 945

<210> 35

<211> 121

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R19, hGR19

<400> 35

```

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

```

<210> 36

<211> 466

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R19, hGR19

<400> 36

```

ctgtaactac tctagcaaac ctcataccct ttactctgag cctaatatgt tttctgctgt 60
taatctgttc tctttgtaaa catctcaaga agatgcggct ccatagcaaa ggatctcaag 120
atcccagcac caaggtccat ataaaagctt tgcaaactgt gacctccttc ctcatgttat 180
ttgccattta ctttctgtgt ataatcacat caacttgaa tcttaggaca cagcagagca 240
aacttgtact cctgctttgc caaactgttg caatcatgta tccttcattc cactcattca 300
tcctgattat gggaagtagg aagctaaaac agacctttct ttcagttttg tggcagatga 360
catgctgagt gaaagaagag aaacctcaa ctccatagat tcacaagggg agcatcgtgg 420
gtcttctagc agaaaacaaa ctgatggtgt ctggaacatt ttatat 466

```

<210> 37

<211> 129
 <212> PRT
 <213> 人类(Homo sapiens)

<220>
 <223> 人 T2R20, hGR20

<220>
 <221> MOD_RES
 <222> (3)
 <223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 37
 His Leu Xaa Arg Lys Ala Lys Ser Val Val Leu Val Ile Val Leu Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Phe Phe Leu Val Cys Gln Leu Val Met Lys Asn Thr Tyr Ile
 20 25 30
 Asn Val Trp Thr Glu Glu Cys Glu Gly Asn Val Thr Trp Lys Ile Lys
 35 40 45
 Leu Arg Asn Ala Met His Leu Ser Asn Leu Thr Val Ala Met Leu Ala
 50 55 60
 Asn Leu Ile Pro Phe Thr Leu Thr Val Ile Ser Phe Leu Leu Leu Ile
 65 70 75 80
 Tyr Ser Leu Cys Lys His Leu Lys Lys Met Gln Leu His Gly Lys Gly
 85 90 95
 Ser Gln Asp Pro Ser Thr Lys Ile His Ile Lys Ala Leu Gln Thr Val
 100 105 110
 Thr Ser Phe Leu Val Leu Leu Ala Ile Tyr Phe Leu Cys Leu Ile Ile
 115 120 125
 Ser

<210> 38
 <211> 397
 <212> DNA
 <213> 人类(Homo sapiens)

<220>
 <223> 人 T2R20, hGR20

<220>
 <221> modified_base
 <222> (12)

<223> n = g, a, c 或 t

<400> 38

```

ttcatcactt anaaaggaag gctaagagtg tagttctggt gatagtgttg gggctcttgt 60
tcttttttgg ttgtcaactt gtgatgaaaa acacgtatat aaatgtgtgg acagaagaat 120
gtgaaggaaa cgtaacttgg aagatcaaac tgaggaatgc aatgcacctt tccaacttga 180
ctgtagccat gctagcaaac ttgataccat tcaactctgac cgtgatatct tttctgctgt 240
taatctactc tctgtgtaaa catctgaaga agatgcagct ccatggcaaa ggatctcaag 300
atcccagcac caagatccac ataaaagctc tgcaaactgt gacctccttc ctcgtattac 360
ttgccattta ctttctgtgt ctaatcatat ccttttg 397

```

<210> 39

<211> 312

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R21, hGR21

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1)..(312)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 39

```

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

```

```

Leu Thr Gly Gly Leu Ser Asp Leu Trp Ile Asn Ile Tyr Thr Ile Tyr
145              150              155              160
Glu Arg Asn Ser Thr Trp Ser Leu Asp Val Ser Lys Ile Leu Tyr Cys
              165              170              175
Ser Leu Trp Ile Leu Val Ser Leu Ile Tyr Leu Ile Ser Phe Leu Leu
              180              185              190
Ser Leu Ile Ser Leu Leu Leu Leu Ile Leu Ser Leu Met Arg His Ile
              195              200              205
Arg Asn Leu Gln Leu Asn Thr Met Gly Pro Arg Asp Leu Arg Met Lys
              210              215              220
Ala His Lys Arg Ala Met Lys Met Lys Met Lys Met Met Val Ser Phe
225              230              235              240
Leu Leu Phe Phe Leu Val His Phe Ser Ser Leu Leu Pro Thr Gly Trp
              245              250              255
Ile Phe Leu Ile Gln Gln Lys Xaa Gln Ala Asn Phe Phe Val Leu Leu
              260              265              270
Thr Ser Ile Ile Phe Pro Ser Ser His Ser Phe Val Leu Ile Leu Glu
              275              280              285
Asn Cys Lys Leu Arg Gln Thr Ala Val Gly Pro Leu Trp His Leu Lys
              290              295              300
Cys His Leu Lys Arg Val Lys Leu
305              310

```

<210> 40

<211> 90

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R22, hGR22

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1)..(90)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 40

```

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

```

50	55	60	
Asp Ser Phe Leu Val Gly Leu Ala Ser His Leu Tyr Thr Thr Tyr Arg			
65	70	75	80
Leu Xaa Lys Asn Cys Ile Met Leu Trp Thr			
	85	90	

<210> 41

<211> 656

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R22, hGR22

<220>

<221> modified_base

<222> (1).. (656)

<223> n = g, a, c 或 t

<400> 41

```
tatagggacn gtgatgcttc gtacactctc caagaagaaa cactccgtga ggtatgtgag 60
actgcatncc ttagtagatc tnttgggata tatattcata atatagaaaa anaggcaaag 120
acttncctaa gtatatgaga ctctatccaa cagcagaagg ttctgatcaa gactggaagt 180
gcaatanaag caatgaagat aagtatcaga tatgaatgct cttctgcaat ggtctgattg 240
tnacattatt aatgatacan agtattaaaa acttggattt tnttgtctct ggagatggcc 300
accgaatcgg acacaaatct tctgattctg gcaatagcag aattcatcat cagcatgctg 360
gggaatgtgt tcattggact ggtaaactgc tctgaangga tcaagaacca naaggtcttc 420
tcagctgact tcactctcac ctgcttggtc atctctcaca atggacaact gttggtgata 480
ctgtttgatt catttctagt gggacttgct tcacatctat ataccacata tagactanga 540
aaaaactgta ttatgctttg gacatgacta atcacttgac acactgcttc gcacgtgcta 600
gcatattcta ttcttagata gccacttcnc actccttgtc tctgctgaag tgggat 656
```

<210> 42

<211> 72

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R23, hGR23

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1).. (72)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 42

```

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

```

<210> 43

<211> 589

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R23, hGR23

<220>

<221> modified_base

<222> (1)..(589)

<223> n = g, a, c 或 t

<400> 43

```

agggttgagt cgtgcttatac ttcaacttaac ctagtatana antacagcat atagcaagga 60
gagaatgtat atgaagagga gtgaatttga gtctgtttga gaataatgac cttttctatt 120
tctataaaga cagttttgaa ttcatctatt agcatatgct ggtgcttgcc tgttgacact 180
agtcaactgaa tttaaaggca gaaaatgtta ttgcacattt agtaatcaag tgttcacga 240
agttaacatc tggatgttaa aggactcaga acaagtgtta ctaagcctgc atttttttat 300
ctgttcaaac atgatgtggt ntctgctcat catttcatca attctggtag agttgcattt 360
gttcttggaa atgtingccaa tggcttcata gctctagtaa atgtcattga ctnggttaac 420
acacgaaaga tctcctcagc tgagcaaatt ctactgctc tgggtggtctc cagaattggg 480
nntactctgn gtcatagtat tccttgagat gcaactagat gttaatctgc tctatatagg 540
ntagaagtaa gaattgttgc ttctaatagcc tgagctcgta cgaaccatt 589

```

<210> 44

<211> 314

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R24, hGR24

<400> 44

```

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

```

305

310

<210> 45

<211> 945

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R24, hGR24

<400> 45

```

atggccaccg aattggacaa aatctttctg attctggcaa tagcagaatt catcatcagc 60
atgctgggga atgtgttcat tggactggta aactgctctg aagggatcaa gaaccaaag 120
gtcttctcag ctgacttcat cctcacctgc ttggctatct ccacaattgg acaactgttg 180
gtgatactgt ttgattcatt tctagtggga cttgcttcac atttatatac cacatataga 240
ctaggaaaaa ctgttattat gctttggcac atgactaatc acttgacaac ctggcttgcc 300
acctgcctaa gcattttcta tttctttaag atagcccact tccccactc ctttttcctc 360
tggtgaggt ggaggatgaa cggaatgatt gttatgcttc ttatattgtc tttgttctta 420
ctgatttttg acagttagt gctagaaata tttattgata tctcactcaa tataatagat 480
aaaagtaatc tgactttata ttagatgaa agtaaaactc tctatgataa actctctatt 540
ttaaaaactc ttctcagctt aaccagtttt atcccctttt ctctgttcct gacctccttg 600
ctttttttat ttctgtcctt ggtgagacat actagaaatt tgaagctcag ttccttgggc 660
tctagagact ccagcacaga ggcccatagg agggccatga aaatggtgat gtctttcctt 720
ttcctcttca tagttcattt tttttcctta caagtggcca atgggatatt ttttatgttg 780
tggaacaaca agtacataaa gtttgtcatg ttagccttaa atgcctttcc ctcgtgccac 840
tcatttatc tcattctggg aaacagcaag ctgcgacaga cagctgtgag gctactgttg 900
catcttagga actatacaaa aacaccaa at gctttacctt ttagtag 945

```

<210> 46

<211> 72

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R25, hGR25

<400> 46

```

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

```

Leu Ile Met Arg Ser Arg Lys Leu Lys Gln Thr Ser Leu Ser Val Leu
 50 55 60
 Cys Gln Val Thr Cys Trp Val Lys
 65 70

<210> 47
 <211> 264
 <212> PRT
 <213> 人类(Homo sapiens)

<220>
 <223> 人 T2R26, hGR26

<220>
 <221> MOD_RES
 <222> (20)
 <223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 47
 Met Pro Pro Gly Ile Gly Asn Thr Phe Leu Ile Val Met Met Gly Glu
 1 5 10 15
 Phe Ile Ile Xaa Met Leu Gly Asn Gly Phe Ile Val Leu Val Asn Cys
 20 25 30
 Ile Asp Val Arg Ser Gln Met Ile Leu Leu Asp Asn Cys Ile Leu Thr
 35 40 45
 Ser Leu Ala Ile Ser Thr Ile Ser Gln Leu Trp Ile Ile Leu Leu Asp
 50 55 60
 Ser Phe Val Thr Ala Leu Trp Pro His Leu Tyr Ala Phe Asn Lys Leu
 65 70 75 80
 Ile Lys Phe Ile His Ile Phe Trp Ala Leu Thr Asn His Leu Val Thr
 85 90 95
 Trp Leu Ala Cys Cys Leu Ser Val Phe Tyr Phe Phe Lys Ile Ala Tyr
 100 105 110
 Phe Ser His Pro Cys Phe Ile Trp Leu Arg Trp Arg Ile Ser Arg Thr
 115 120 125
 Leu Leu Glu Leu Pro Leu Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Phe Asn Leu
 130 135 140
 Ala Leu Thr Gly Gly Leu Ser Asp Leu Trp Ile Asn Ile Tyr Thr Met
 145 150 155 160
 Tyr Glu Arg Asn Ser Thr Trp Ser Leu Asp Val Ser Lys Ile Leu Tyr
 165 170 175
 Cys Ser Leu Trp Ile Leu Val Ser Leu Ile Tyr Leu Ile Ser Phe Leu
 180 185 190
 Leu Ser Leu Ile Ser Leu Leu Leu Ile Leu Ser Leu Met Arg His

```

          195              200              205
Ile Arg Asn Leu Gln Leu Asn Thr Met Gly Pro Arg Asp Leu Arg Met
          210              215              220
Lys Ala His Lys Arg Ala Met Lys Met Lys Met Lys Met Met Val Ser
225              230              235              240
Phe Leu Leu Phe Phe Leu Val His Phe Ser Ser Leu Leu Pro Thr Gly
          245              250              255
Trp Ile Phe Leu Ile Gln Gln Lys
          260

```

<210> 48

<211> 264

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R27, hGR27

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1).. (264)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 48

```

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

```

Gly Val Val Tyr Ser Leu Tyr His Phe Ser Tyr Leu Met Phe Leu Val
 165 170 175
 Cys Tyr Leu Pro Lys Gly Lys His Cys Thr Ala Val Val Ile Gly Asp
 180 185 190
 Trp Leu Gln Arg Pro Arg Thr Glu Ala Tyr Val Arg Ala Met Asn Ile
 195 200 205
 Met Ile Ala Phe Phe Phe His Leu Leu Tyr Ser Leu Gly Thr Ser Leu
 210 215 220
 Ser Ser Val Ser Tyr Phe Leu Cys Lys Arg Lys Ile Val Ala Leu Gly
 225 230 235 240
 Ala Tyr Leu Ser Tyr Pro Leu Ser His Ser Phe Ile Leu Ile Met Glu
 245 250 255
 Asn Asn Lys Val Arg Lys Ala Leu
 260

<210> 49
 <211> 35
 <212> PRT
 <213> 人类(Homo sapiens)

<220>
 <223> 人 T2R28, hGR28

<400> 49
 Asn Ile Cys Val Leu Leu Ile Ile Leu Ser Ile Leu Val Val Ser Ala
 1 5 10 15
 Phe Val Leu Gly Asn Val Ala Asn Gly Phe Ile Ala Leu Ile Asn Val
 20 25 30
 Asn Asp Trp
 35

<210> 50
 <211> 36
 <212> PRT
 <213> 人类(Homo sapiens)

<220>
 <223> 人 T2R29, hGR29

<400> 50
 Met Gln Ala Ala Leu Thr Ala Phe Phe Val Leu Leu Phe Ser Leu Leu
 1 5 10 15
 Ser Leu Leu Gly Ile Ala Ala Asn Gly Phe Ile Val Leu Val Leu Gly
 20 25 30

Lys Glu Trp Leu

35

<210> 51

<211> 319

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R30, hGR30

<400> 51

```

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

```

Lys Gln Pro Val Phe Met Phe Cys Gln Ala Ile Ile Phe Ser Tyr Pro
 260 265 270
 Ser Thr His Pro Phe Ile Leu Ile Leu Gly Asn Lys Lys Leu Lys Gln
 275 280 285
 Ile Phe Leu Ser Val Leu Arg His Val Arg Tyr Trp Val Lys Asp Arg
 290 295 300
 Ser Leu Arg Leu His Arg Phe Thr Arg Gly Ala Leu Cys Val Phe
 305 310 315

<210> 52

<211> 960

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R30, hGR30

<400> 52

atgataactt ttctacccat cattttttcc attctggtag tggttacatt tgttcttgga 60
 aatttttcca atggcttcat agctctagta aattccattg agtgggtcaa gacacgaaag 120
 atctcctcag ctgaccaaat cctcactgct ctgggtgtct ccagagttgg ttactctgga 180
 gtcatattat tacattggta tgcaaatgtg ttaattcag ctttatatag ttcagaagta 240
 ggagctgttg cttctaatat ctgagcaata atcaaccatt tcagcatctg gcttgctact 300
 agcctcagca tattttattt gctcaagatt gccaatttct ccaaccttat tttctccac 360
 ttaaagaaga gaattaggag tgttggtctg gtgatactgt tgggtccctt ggtatttttg 420
 atttgtaatc ttgctgtgat aacctggat gacagtgtgt ggacaaaaga atatgaagga 480
 aatgtgactt ggaagatcaa attgaggaat gcaatacacc tttcaaatat gactgtaagc 540
 acactagcaa acctcatacc cttcattctg accctaatat gttttctgct gttaatctgt 600
 tctctgtgta aacatctcaa gaagatgcag ctccatggca aaggatctca agatcccagc 660
 accaaggtcc acataaaagc ttgcaaact gtgacctcct ttcttctgtt atgtgccatt 720
 tactttctgt ccatgatcat atcagtttgt aattttggga ggctggaaaa gcaacctgtc 780
 ttcatgttct gccaagctat tatattcagc tatecttcaa cccaccatt catcctgatt 840
 ttgggaaaca agaagctaaa gcagattttt ctttcagttt tgcggcatgt gaggtactgg 900
 gtgaaagaca gaagccttcg tctccataga ttcacaagag gggcattgtg tgtcttctag 960

<210> 53

<211> 299

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R31, hGR31

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1).. (299)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 53

```

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

```

<210> 54
 <211> 900
 <212> DNA
 <213> 人类(Homo sapiens)

<220>
 <223> 人 T2R31, hGR31

<220>
 <221> modified_base
 <222> (1).. (900)
 <223> n = g, a, c 或 t

<400> 54
 atgacaactt ttatacccat cattttttcc agtgtggtag tggttctatt tgttattgga 60
 aattttgcta atggcttcat agcattggta aattccattg agcgggtcaa gagacaaaag 120
 atctcttttg ctgaccagat tctcactgct ctggcggctc ccagagtgg tttgctctgg 180
 gtattattat taaattggta ttcaactgtg tttaatccag ctttttatag tgtagaagta 240
 agaactactg cttataatgt ctgggcagta accggccatt tcagcaactg gcttgctact 300
 agcctcagca tattttatgt gctcaagatt gccaatctt ccaaccttat tttcttcac 360
 ttaaagagga gagttaagag tgtcattctg gtgatgctgt tggggccttt actattttg 420
 gcttgcaac tttttgtgat aaacatgaaa gagattgtac ggacaaaaga attgaagga 480
 aacatgactt ggaagatcaa attgaagagt gcaatgtact tttcanatat gactgtaacc 540
 attggagcan acttagtacc ctttactctg tccttgatat cttttctgat gctaactctgt 600
 tctctgtgta aacatctcaa gaagatgcag ctccatggag aaggatcgca agatctcagc 660
 accaaggtcc acataaaagc tttgcaaact ctgatctcct tcctcttggt atgtgccatt 720
 ttctttctat tcctaactgt ttcggtttgg agtcctagga ggctgcggaa tgacccggtt 780
 gtcatgggta gcaaggctgt tggaacata tatcttgcat tcgactcatt catcctaatt 840
 tggagaacca agaagctaaa acacaccttt cttttgattt tgtgtcagat taggtgctga 900

<210> 55
 <211> 20
 <212> PRT
 <213> 人类(Homo sapiens)

<220>
 <223> 人 T2R32, hGR32

<400> 55
 His Ser Phe Met Leu Thr Met Gly Ser Arg Lys Pro Lys Gln Thr Phe
 1 5 10 15
 Leu Ser Ala Leu

20

<210> 56

<211> 309

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R33, hGR33

<400> 56

```

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

```

	260		265		270
Ser	Ile	His	Pro	Phe	Ile
Leu	Ile	Trp	Gly	Asn	Lys
Lys	Lys	Leu	Lys	Gln	
	275		280		285
Thr	Phe	Leu	Ser	Val	Phe
Trp	Gln	Val	Arg	Tyr	Trp
Val	Lys	Gly	Glu		
	290		295		300
Lys	Pro	Ser	Ser	Pro	
	305				

<210> 57

<211> 930

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R33, hGR33

<400> 57

```

atggtatatt ttctgcccatt ctttttttcc attctggttag tgtttgcatt tgttcttgga 60
aatttttcca atggcttcat agctctagta aatgtcattg actgggttaa gagacaaaag 120
atctcctcag ctgaccaaatt tctcactgct ctggtggtct ccagagtgg tttactctgg 180
gtcatattat tacattggta tgcaaatgtg ttttaattcag ctttatatag tttagaagta 240
agaattgttg cttctaatat ctcagcagta atcaaccatt tcagcatctg gcttgcctgt 300
agcctcagca tatattttt gctcaagatt gccaatttct ccaaccttat tttctccac 360
ctaaagaaga gaattaagag tggtgttctg gtgatactgt tggggccctt ggtatttctg 420
atttgaatc ttgctgtgat aacctggat gagagagtgt ggacaaaaga atatgaagga 480
aatgtgactt ggaagatcaa attgaggaat gcaatacacc tttcaagctt gactgtaact 540
actctagcaa acctcatacc ctttactctg agcctaatat gttttctgct gttaatctgt 600
tctctttgta aacatctcaa gaagatgcag ctccatagca aaggatctca agatcccagc 660
accaaggtcc acataaaagc ttgcaaact gtgatctcct tctcatgtt atgtgccatt 720
tactttctgt ccataatgat atcagtttgg aatcttagga gtctggaaaa caaacctgtc 780
ttcatgttct gcaaagctat tagattcagc tatccttcaa tccaccatt catcctgatt 840
tggggaaaca agaagctaaa gcagactttt ctttcagttt tttggcaagt gaggtactgg 900
gtgaaaggag agaagccttc atctccatag 930

```

<210> 58

<211> 100

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R34, hGR34

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1).. (100)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 58

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

<210> 59

<211> 128

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R35, hGR35

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1).. (128)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 59

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

Thr Ser Thr Trp Asn Pro Arg Thr Gln Gln Ser Lys Leu Val Phe Leu
 85 90 95
 Leu Tyr Gln Thr Leu Gly Phe Met Tyr Leu Leu Phe His Ser Phe Ile
 100 105 110
 Leu Thr Met Gly Ser Arg Lys Pro Lys Gln Thr Phe Leu Ser Ala Leu
 115 120 125

<210> 60

<211> 309

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R36, hGR36

<400> 60

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

```

Ile Lys Ala Leu Gln Thr Val Thr Ser Phe Leu Leu Leu Cys Ala Ile
225                230                235                240
Tyr Phe Leu Ser Met Ile Ile Ser Val Cys Asn Phe Gly Arg Leu Glu
                245                250                255
Lys Gln Pro Val Phe Met Phe Cys Gln Ala Ile Ile Phe Ser Tyr Pro
                260                265                270
Ser Thr His Pro Phe Ile Leu Ile Leu Gly Asn Lys Lys Leu Lys Gln
                275                280                285
Ile Phe Leu Ser Val Phe Trp Gln Met Arg Tyr Trp Val Lys Gly Glu
                290                295                300
Lys Pro Ser Ser Pro
305

```

<210> 61

<211> 930

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R36, hGR36

<400> 61

```

atgatatgtt ttctgctcat cattttatca attctggtag tgtttgcatt tgttcttgga 60
aatttttcca atggcttcat agctctagta aatgtcattg actgggtcaa gagacaaaag 120
atctcctcag ctgaccaaat cctcactgct ctggtggtct ccagagtggg tttactctgg 180
gtaatattat tacattggta ttcaaatgtg ttgaattcag ctttatatag ttcagaagta 240
ataattttta tttctaagtc ctgggcaata atcaaccatt tcagcatctg gcttgctact 300
agcctcagca tattttatct gctcaagatc gtcaatttct ccagacttat tttcatcac 360
ttaaaaagga aggctaagag tgtagttctg gtgatatgtg tgggtccctt ggtatttttg 420
gtttgtcacc ttgtgatgaa acacacgtat ataaatgtgt ggacaaaaga atatgaagga 480
aatgtgactt ggaagatcaa actgaggaat gcaatacacc tttcaaactt gactgtaagc 540
acactagcaa acttgatacc cttcactctg accctgatat cttttctgct gttaatctac 600
tctctgtgta aacatctcaa gaagatgcag ctccatggca aaggatctca agatcccagc 660
accaaggtcc acataaaagc tttgcaaact gtgacctcct ttcttctggt atgtgccatt 720
tactttctgt ccatgatcat atcagtttgt aattttggga ggctggaaaa gcaacctgtc 780
ttcatgttct gccaagctat tatattcagc tatccttcaa cccaccatt catcctgatt 840
ttgggaaaca agaagctaaa gcagattttt ctttcagttt tttggcaaat gaggtactgg 900
gtgaaaggag agaagccttc atctccatag                                     930

```

<210> 62

<211> 309

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R37, hGR37

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1).. (309)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 62

```

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

```

Ser Thr His Pro Phe Ile Leu Ile Leu Gly Asn Lys Lys Leu Lys Gln
 275 280 285
 Ile Phe Leu Ser Val Leu Arg His Val Arg Tyr Trp Val Lys Gly Glu
 290 295 300
 Lys Pro Ser Ser Ser
 305

<210> 63

<211> 930

<212> DNA

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R37, hGR37

<400> 63

```

atgataactt ttctgcccatt cattttttcc attctaataag tggttacatt tgtgattgga 60
aatttttgcta atggcttcat agctctagta aattccattg agtggggttaa gagacaaaag 120
atctcatcag ctgaccaaatt ttctcactgc tctgggtggtg tccagaattg gtttactctg 180
ggatcatatta ttacattggt atgcaactgt gtttaatttg gcttcatata gattagaagt 240
aagaattttt ggttctaattg tctcagcaat aaccaagcat ttcagcatgt ggggtgttact 300
agcctcagca tatttcattt gctcaagact gccaatttct ccaaccttat ttttctccac 360
ctaaagaaga ggattaagag tggttggttg gtgatactat tggggccttt gctatttttc 420
atttgtaatc tttttgtgat aaacatggat gagagtgtat ggacaaaaga atatgaagga 480
aacgtgactt ggaagatcaa attgaggagt gcaatgtacc attcaaatat gactctaacc 540
atgctagcaa actttgtacc cttcactctg accctgatat cttttctgct gttaatctgt 600
tctctgtgta aacatctcaa gaagatgcag ctccatggca aaggatctca agatcccagc 660
accaagggtcc acataaaagc ttgcaaact gtgacctcct ttcttctgtt atgtgccatt 720
tactttctgt ccatgatcat atcagtttgt aatttgggga ggctggaaaa gcaacctgtc 780
ttcatgttct gcgaagctat tatattcagc tatccttcaa cccacccatt catcctgatt 840
ttgggaaaca agaagctaaa gcagattttt ctttcagttt tgcggcatgt gaggtactgg 900
gtgaaaggag agaagccttc atcttcatag 930

```

<210> 64

<211> 144

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R38, hGR38

<400> 64

Met Leu Thr Leu Thr Arg Ile Arg Thr Val Ser Tyr Glu Val Arg Ser

```

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

```

<210> 65

<211> 140

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R39, hGR39

<400> 65

```

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

```

Asp Leu Phe Arg Arg Met Ile Cys Leu Gln Lys Glu
130 135 140

<210> 66

<211> 71

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R40, hGR40

<400> 66

Ser Gln Tyr Ser Leu Gly His Ser Tyr Val Val Ile Phe Gly Tyr Gly
1 5 10 15
Gln Met Lys Lys Thr Phe Leu Gly Ile Leu Trp His Leu Lys Cys Gly
20 25 30
Leu Lys Gly Arg Ala Leu Leu Ala Thr Gln Val Gly Leu Arg Glu Lys
35 40 45
Ser Thr Arg Ser Leu Gly Val Ile Phe Leu Ala Ser Ser Tyr Ser Phe
50 55 60
Phe Val Tyr Val Leu Cys His
65 70

<210> 67

<211> 309

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R41, hGR41

<220>

<221> MOD_RES

<222> (253)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 67

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

```

      50              55              60
His Trp Tyr Ala Asn Val Leu Asn Pro Ala Leu Tyr Ser Ser Glu Val
 65              70              75              80
Ile Ile Phe Ile Ser Asn Ile Ser Ala Ile Ile Asn His Phe Ser Ile
      85              90              95
Trp Leu Ala Thr Ser Leu Ser Ile Phe Tyr Leu Leu Lys Ile Val Asn
      100             105             110
Phe Ser Arg Leu Ile Phe His His Leu Lys Arg Lys Ala Lys Ser Val
      115             120             125
Val Leu Val Ile Val Leu Gly Pro Leu Val Phe Leu Val Cys His Leu
      130             135             140
Val Met Lys His Thr Tyr Ile Asn Val Trp Thr Lys Glu Tyr Glu Gly
 145             150             155             160
Asn Val Thr Trp Lys Ile Lys Leu Arg Asn Ala Ile His Leu Ser Asn
      165             170             175
Leu Thr Val Ser Thr Leu Ala Asn Leu Ile Pro Phe Thr Leu Thr Leu
      180             185             190
Ile Ser Phe Leu Leu Leu Ile Cys Ser Leu Cys Lys His Leu Lys Lys
      195             200             205
Met Gln Leu His Ser Lys Gly Ser Gln Asp Pro Ser Thr Lys Val His
      210             215             220
Ile Lys Ala Leu Gln Thr Val Thr Ser Phe Leu Met Leu Phe Ala Ile
 225             230             235             240
Tyr Phe Leu Tyr Leu Ile Thr Ser Thr Trp Asn Leu Xaa Thr Gln Gln
      245             250             255
Ser Lys Leu Val Phe Met Phe Cys Gln Thr Leu Gly Ile Met Tyr Pro
      260             265             270
Ser Phe His Ser Phe Ile Leu Ile Met Gly Ser Arg Lys Leu Lys Gln
      275             280             285
Thr Phe Leu Ser Val Leu Cys Gln Val Thr Cys Leu Val Lys Gly Gln
      290             295             300
Gln Pro Ser Thr Pro
305

```

<210> 68

<211> 34

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R42, hGR42

<400> 68

Phe Ile Gly Leu Thr Asp Cys Ile Ala Trp Met Arg Asn Gln Lys Leu

```

      1             5             10             15
Cys Met Val Gly Phe Ile Leu Thr Arg Met Ala Leu Ala Arg Ile Asn
      20             25             30
Ile Leu

```

<210> 69

<211> 297

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R43, hGR43

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1).. (297)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 69

```

Leu Glu Leu Ile Phe Ser Xaa Lys Val Val Ala Thr Arg Gly Leu Val
  1             5             10             15
Leu Gly Met Leu Gly Asn Gly Leu Ile Gly Leu Val Asn Cys Ile Glu
      20             25             30
Trp Ala Lys Ser Trp Lys Val Ser Ser Ala Asp Phe Ile Leu Thr Ser
      35             40             45
Leu Ala Ile Val Arg Ile Ile Arg Leu Tyr Leu Ile Leu Phe Asp Ser
      50             55             60
Phe Ile Met Val Leu Ser Pro His Leu Tyr Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
      65             70             75             80
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
      85             90             95
Xaa Xaa Ser Leu Ser Ile Phe His Trp Phe Lys Thr Ala Asn Phe Ser
      100            105            110
Asn Leu Ile Phe Leu Pro Leu Lys Glu Glu Asp Xaa Asn Val Trp Leu
      115            120            125
Gly Asp Ala Val Gly Ala Leu Gly Ile Phe His Leu Xaa Ser Cys Ser
      130            135            140
Glu Asn His Gly Xaa Glu Val Cys Gly Gln Lys Asn Met Lys Glu Phe
      145            150            155            160
Cys Ser Gly Met Ile Lys Leu Arg Asn Ala Ile Gln Leu Ser Asn Leu
      165            170            175
Thr Val Thr Met Pro Ala Asn Val Thr Pro Cys Thr Leu Thr Leu Ile
      180            185            190

```

Ser Phe Leu Leu Leu Ile Tyr Ser Pro Cys Lys His Val Lys Lys Met
 195 200 205
 Gln Leu His Gly Lys Gly Ser Gln His Leu Ser Thr Lys Val His Ile
 210 215 220
 Lys Val Leu Gln Thr Val Ile Ser Phe Phe Leu Leu Cys Ala Ile Tyr
 225 230 235 240
 Phe Val Ser Val Ile Ile Ser Val Trp Ser Phe Lys Asn Leu Glu Asn
 245 250 255
 Lys Pro Val Phe Met Phe Cys Gln Ala Ile Gly Phe Ser Cys Ser Ser
 260 265 270
 Ala His Pro Phe Ile Leu Thr Met Gly Asn Lys Lys Leu Lys Gln Thr
 275 280 285
 Tyr Leu Ser Val Leu Trp Gln Met Arg
 290 295

<210> 70

<211> 319

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R44, hGR44

<400> 70

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

```

Asn Val Thr Trp Lys Ile Lys Leu Arg Ser Ala Met Tyr His Ser Asn
      165              170              175
Met Thr Leu Thr Met Leu Ala Asn Phe Val Pro Leu Thr Leu Thr Leu
      180              185              190
Ile Ser Phe Leu Leu Leu Ile Cys Ser Leu Cys Lys His Leu Lys Lys
      195              200              205
Met Gln Leu His Gly Lys Gly Ser Gln Asp Pro Ser Thr Lys Val His
      210              215              220
Ile Lys Ala Leu Gln Thr Val Thr Ser Phe Leu Leu Leu Cys Ala Ile
225              230              235              240
Tyr Phe Leu Ser Met Ile Ile Ser Val Cys Asn Leu Gly Arg Leu Glu
      245              250              255
Lys Gln Pro Val Phe Met Phe Cys Gln Ala Ile Ile Phe Ser Tyr Pro
      260              265              270
Ser Thr His Pro Phe Ile Leu Ile Leu Gly Asn Lys Lys Leu Lys Gln
      275              280              285
Ile Phe Leu Ser Val Leu Arg His Val Arg Tyr Trp Val Lys Asp Arg
      290              295              300
Ser Leu Arg Leu His Arg Phe Thr Arg Gly Ala Leu Cys Val Phe
305              310              315

```

<210> 71

<211> 314

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R45, hGR45

<400> 71

```

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

```

```

His Phe Pro His Ser Leu Phe Leu Trp Leu Arg Trp Arg Met Asn Gly
    115                      120                      125
Met Ile Val Met Leu Leu Ile Leu Ser Leu Phe Leu Leu Ile Phe Asp
    130                      135                      140
Ser Leu Val Leu Glu Ile Phe Ile Asp Ile Ser Leu Asn Ile Ile Asp
    145                      150                      155                      160
Lys Ser Asn Leu Thr Leu Tyr Leu Asp Glu Ser Lys Thr Leu Tyr Asp
                      165                      170                      175
Lys Leu Ser Ile Leu Lys Thr Leu Leu Ser Leu Thr Ser Phe Ile Pro
                      180                      185                      190
Phe Ser Leu Phe Leu Thr Ser Leu Leu Phe Leu Phe Leu Ser Leu Val
                      195                      200                      205
Arg His Thr Arg Asn Leu Lys Leu Ser Ser Leu Gly Ser Arg Asp Ser
    210                      215                      220
Ser Thr Glu Ala His Arg Arg Ala Met Lys Met Val Met Ser Phe Leu
    225                      230                      235                      240
Phe Leu Phe Ile Val His Phe Phe Ser Leu Gln Val Ala Asn Trp Ile
                      245                      250                      255
Phe Phe Met Leu Trp Asn Asn Lys Cys Ile Lys Phe Val Met Leu Ala
                      260                      265                      270
Leu Asn Ala Phe Pro Ser Cys His Ser Phe Ile Leu Ile Leu Gly Asn
                      275                      280                      285
Ser Lys Leu Gln Gln Thr Ala Val Arg Leu Leu Trp His Leu Arg Asn
                      290                      295                      300
Tyr Thr Lys Thr Pro Asn Pro Leu Pro Leu
    305                      310

```

<210> 72

<211> 59

<212> PRT

<213> 人类(Homo sapiens)

<220>

<223> 人 T2R46, hGR46

<400> 72

```

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

```

<210> 73
 <211> 65
 <212> PRT
 <213> 人类(Homo sapiens)

<220>
 <223> 人 T2R47, hGR47

<220>
 <221> MOD_RES
 <222> (1)..(65)
 <223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 73
 Met Leu Asn Ala Leu Tyr Ser Ile Leu Ile Ile Ile Ile Asn Ile Xaa
 1 5 10 15
 Phe Leu Ile Gly Ile Leu Gly Asn Gly Phe Ile Thr Leu Val Asn Gly
 20 25 30
 Ile Asp Trp Val Lys Met Xaa Lys Arg Ser Ser Ile Leu Thr Ala Leu
 35 40 45
 Thr Ile Ser Arg Ile Cys Leu Ile Ser Val Ile Met Val Arg Trp Phe
 50 55 60
 Ile
 65

<210> 74
 <211> 60
 <212> PRT
 <213> 人类(Homo sapiens)

<220>
 <223> 人 T2R48, hGR48

<400> 74
 Val Ser Arg Val Gly Leu Leu Trp Val Ile Leu Leu His Trp Tyr Ser
 1 5 10 15
 Thr Val Leu Asn Pro Thr Ser Ser Asn Leu Lys Val Ile Ile Phe Ile
 20 25 30
 Ser Asn Ala Trp Ala Val Thr Asn His Phe Ser Ile Trp Leu Ala Thr
 35 40 45
 Ser Leu Ser Ile Phe Tyr Leu Leu Lys Ile Val Asn
 50 55 60

<210> 75
 <211> 72
 <212> PRT
 <213> 人类(Homo sapiens)

<220>
 <223> 人 T2R49, hGR49

<400> 75
 Thr Val Thr Met Leu Ala Asn Leu Val Pro Phe Thr Val Thr Leu Ile
 1 5 10 15
 Ser Phe Leu Leu Leu Val Cys Ser Leu Cys Lys His Leu Lys Lys Met
 20 25 30
 His Leu His Gly Lys Gly Ser Gln Asp Pro Ser Thr Lys Val His Ile
 35 40 45
 Lys Val Leu Gln Thr Val Ile Ser Phe Leu Leu Leu Cys Ala Ile Tyr
 50 55 60
 Phe Val Ser Val Ile Ile Ser Ser
 65 70

<210> 76
 <211> 299
 <212> PRT
 <213> 人类(Homo sapiens)

<220>
 <223> 人 T2R50, hGR50

<400> 76
 Met Ile Thr Phe Leu Pro Ile Ile Phe Ser Ile Leu Val Val Val Thr
 1 5 10 15
 Phe Val Ile Gly Asn Phe Ala Asn Gly Phe Ile Ala Leu Val Asn Ser
 20 25 30
 Thr Glu Trp Val Lys Arg Gln Lys Ile Ser Phe Ala Asp Gln Ile Val
 35 40 45
 Thr Ala Leu Ala Val Ser Arg Val Gly Leu Leu Trp Val Leu Leu Leu
 50 55 60
 Asn Trp Tyr Ser Thr Val Leu Asn Pro Ala Phe Tyr Ser Val Glu Leu
 65 70 75 80
 Arg Thr Thr Ala Tyr Asn Ile Trp Ala Val Thr Gly His Phe Ser Asn
 85 90 95
 Trp Pro Ala Thr Ser Leu Ser Ile Phe Tyr Leu Leu Lys Ile Ala Asn

```

          100          105          110
Phe Ser Asn Leu Ile Phe Leu Arg Leu Lys Arg Arg Val Lys Ser Val
          115          120          125
Ile Leu Val Val Leu Leu Gly Pro Leu Leu Phe Leu Ala Cys His Leu
          130          135          140
Phe Val Val Asn Met Asn Gln Ile Val Trp Thr Lys Glu Tyr Glu Gly
          145          150          155          160
Asn Met Thr Trp Lys Ile Lys Leu Arg Arg Ala Met Tyr Leu Ser Asp
          165          170          175
Thr Thr Val Thr Met Leu Ala Asn Leu Val Pro Phe Thr Val Thr Leu
          180          185          190
Ile Ser Phe Leu Leu Leu Val Cys Ser Leu Cys Lys His Leu Lys Lys
          195          200          205
Met Gln Leu His Gly Lys Gly Ser Gln Asp Pro Ser Thr Lys Val His
          210          215          220
Ile Lys Val Leu Gln Thr Val Ile Ser Phe Phe Leu Leu Cys Ala Ile
          225          230          235          240
Tyr Phe Val Ser Val Ile Ile Ser Val Trp Ser Phe Lys Asn Leu Glu
          245          250          255
Asn Lys Pro Val Phe Met Phe Cys Gln Ala Ile Gly Phe Ser Cys Ser
          260          265          270
Ser Ala His Pro Phe Ile Leu Ile Trp Gly Asn Lys Lys Leu Lys Gln
          275          280          285
Thr Tyr Leu Ser Val Leu Trp Gln Met Arg Tyr
          290          295

```

<210> 77

<211> 335

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R01, rGR01

<400> 77

```

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

```

```

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

```

<210> 78

<211> 1331

<212> DNA

<213> 大鼠

<220>

<223> 大鼠 T2R01, rGR01

<400> 78

caggaatcat aaatggctga aactgggcag aactctatgc attatttaaa gaagtcattg 60

```

gtttgtcatt cttaaaatga tggaagggca tatactcttc ttctttttgg ttgtgatggt 120
gcagtttgtc actggggtct tggcaaattg cctcattgtg gttgtccatg ctattgactt 180
gatcatgtgg aagaaaatgg ccccgttgga tctgcttcta tttgcctgg cgacttctcg 240
gatcattctg cagttatgta tattgtttgc acaattgtgt ctattctctt tggtagagaca 300
cactttattt gaggacaata ttacctttgt cttcatcata aatgaactga gtctttggtt 360
tgctacatgg ctcggtgttt tctactgtgc caagattgct accattcctc acccactctt 420
tctgtggctg aagatgagga tatccagggt ggtacatgg ctgacccctg gatctgtgct 480
ctatgtaatt attactactt tcatccatag cagagagact tcagcaatcc ttaaaccaat 540
ttttataagc ctttttcta aaaatgcaac tcaagtcgga acagggcatg ccacactact 600
ctcagtcctg gtccttgggc tcacactgcc gttgttcac tttactgttg ctgttctgct 660
cttgatatac tccctgtgga attatagcag gcagatgagg actatggtag gcaccaggga 720
gtatagcgga catgctcaca tcagtgcatt gctgtccatt ctatcattcc tcatcctcta 780
tctctccac tacatgggtg ctgttctgat ctctactcaa gtccctctacc ttggaagcag 840
aacctttgta ttctgcttac tggttattgg tatgtacccc tcaatacact cgattgtctt 900
aattttagga aatcctaagc tgaaacgaaa tgcaaaaatg ttcattgtcc attgtaagt 960
ttgtcattgt acaagagctt gggtcacctc aaggagccca agactcagt acttgccagt 1020
gcctcctact catccctcag ccaacaagac atcctgtctc gaagcctgta taatgccatc 1080
ctaattgtcc agcctgaggt ttaatcctag gtttgggtact atttcaaaga gtaaagttga 1140
tcattaaagc acaacatatg ttggtggatg acatcaaggt ccatatccca gttgtcaatt 1200
gtaaacctca cttgcaaga tgatgtcact gagaaagcag gacaaatgga gtctaggtcc 1260
ttctgtatga cttgctgcag tatatgtgaa tctataattt tctccaaaaa acaaaaaaaa 1320
aaaaaaaaa a 1331

```

<210> 79

<211> 333

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R02, rGR02

<400> 79

```

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

```

	85	90	95
Asp Asn His Phe Ser Ile Trp Leu Ala Thr Cys Leu Gly Val Phe Tyr			
100	105	110	
Phe Leu Lys Ile Ala Ser Phe Ser Asn Ser Leu Phe Leu Tyr Leu Lys			
115	120	125	
Trp Arg Val Lys Lys Val Val Leu Met Ile Ile Leu Ile Ser Leu Ile			
130	135	140	
Phe Leu Met Leu Asn Ile Ser Ser Leu Gly Met Tyr Asp His Phe Ser			
145	150	155	160
Ile Asp Val Tyr Glu Gly Asn Met Ser Tyr Asn Leu Val Asp Ser Thr			
165	170	175	
His Phe Pro Arg Ile Phe Leu Phe Thr Asn Ser Ser Lys Val Phe Leu			
180	185	190	
Ile Ala Asn Ser Ser His Val Phe Leu Pro Ile Asn Ser Leu Phe Met			
195	200	205	
Leu Ile Pro Phe Thr Val Ser Leu Val Ala Phe Phe Val Leu Phe Leu			
210	215	220	
Ser Leu Trp Lys His His Lys Lys Met Gln Val Asn Ala Lys Gly Pro			
225	230	235	240
Arg Asp Ala Ser Thr Met Ala His Thr Lys Ala Leu Gln Ile Gly Phe			
245	250	255	
Ser Phe Leu Leu Leu Tyr Ala Ile Tyr Leu Leu Phe Ile Ile Thr Gly			
260	265	270	
Ile Leu Asn Leu Asp Leu Met Arg Cys Ile Val Ile Leu Leu Phe Asp			
275	280	285	
His Ile Ser Gly Ala Val Phe Ser Ile Ser His Ser Phe Val Leu Ile			
290	295	300	
Leu Gly Asn Ser Lys Leu Arg Gln Ala Thr Leu Ser Val Leu Pro Cys			
305	310	315	320
Leu Arg Cys Arg Ser Lys Asp Met Asp Thr Val Val Phe			
325	330		

<210> 80

<211> 2438

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R02, rGR02

<400> 80

attttgctcc actatatttgc tcttctgcag taacacagac cacaaaacaa tggagccaat 60
 gggtaagag ctgaaacttc aggaagtggg agccaaattt tctttgtgat aggttggcat 120
 atgagaattc attatattgat gcagcttctg aaaactggat gtgaaatact ggatgaagca 180

```

gaggatgatga cccctttgaa attaaaaagc caagatgttc atggagaaat tataaaacaa 240
tatctgggaa atttgatgct tcctaatacg gtgtaaatgg gattttaaat gatgaacatt 300
ttgaatttcc aatgaccatt atgtaaagtt tttaaacaca gtagagacat cataaattga 360
agcatgttct cacagaaaac aaactacagc cttttgttta ctttttcaat tttttttat 420
gtggaaatag taacaggaat cttaggaaat ggattcatag cactagttaa tatcatggac 480
tggtcaaga ggaggaggat ctctactgca gatcagattc tctgtcttt ggcccttacc 540
agactcattt atgtgtggc tgtactcatt tgtatatgt tactatttct gtgcccacat 600
ttgtctatga gaccagaaat gtttacagcg atagggttta tctgggtagt ggataaccac 660
ttcagcatct ggcttgctac atgtcttggg gtcttttatt tcctcaaaat agccagtttt 720
tctaactctt tgtttcttta cctaaagtgg agagttaaaa aagtggtttt aatgataata 780
ctgatatcac tgattttctt gatgttaaac atttcatcat tagggatgta tgatcatttc 840
tcaattgatg tttatgaagg taatatgtct tataatttgg tggattcaac acattttccc 900
agaattttct tttcacaaa ctcatctaag gtcttcttaa tcgccaattc atcccatgtt 960
ttcttaccca tcaactcact ctcatgctc atacccttca cagtttccct ggtagctttt 1020
ttcgtgctct ttctctcact gtggaagcat cacaagaaga tgcaggtcaa tgccaaagga 1080
cccagagatg ccagcaccat ggcccacaca aaagccttgc aaattgggtt ctccttcctc 1140
ctgctgatg caataactt acttttcatt atcacaggaa ttttgaacct tgacttgatg 1200
agatgtatag taatactttt atttgaccac atacttgag cagttttttc tataagccac 1260
tcatttgtgc tgattctggg aaacagtaag ctgagacaag ccactcttct tgtgtgcct 1320
tgtcttaggt gccggtcaa agatatggac actgtcgtt tctaataaat tccagagtac 1380
attatgcaaa atcttgaggg tgatcagttc atagaaaaag taatcttaga ggggaaaata 1440
aaatattggg gcttcaaatg ttggatgggt aatacatagg aaggcaggac aaggatgaag 1500
gagactagca ttatataagt gatttcacag gggaaatggg aaagagggtt tttatataat 1560
gaagaagaag ataatgatg aaggatgagg aagagttaaa tatgtaaaat gacaatagag 1620
atggcatcat gccgttttaa gaaatttga atgcatatgt atgtttatat attttttaat 1680
ttttattgaa tataatttatt tacattttta atgtttatct gtttcccca cccaacctcc 1740
cacctcttcc cacctccttg cctgacatt cccctgcact gggaatcca gccttgacag 1800
gaccaagggc ttctctccc tttgttgcca acaaggccat tctttgctac atgtgcagca 1860
ggagccatgg atctgtctat gtgtactctt tggatgggtg ttagtcctt gggagctctt 1920
gttggttggg attgttgctt ttatgggtgt gcaactccct tcagctcctt caatccttcc 1980
tgtaactcct ccaatgtgga cctgttctc agtccaatgg ttgactatga gcattcacct 2040
ctgtgattgt catgctctgg cacagcttct cagaagacag ctacatcagt ctcctataag 2100
agtgcacttc atggcatcag caatgttctc ttgatttggg gtctgtatgt atatgggctg 2160
gatcccaggt ggggcaggcg ctgaatggc attccttcag tctttgctcc aaactttgtc 2220
tttatatctc ctatgaatat tttgttccc cttataaga atgactgaag tatccacact 2280
ttggccatcc ttctcatga gttcatgtg gtctgtgaat tgtacattgt gtaatccaag 2340
cttttgggct aatatccaat tatagtgagt gcataccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2400
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2438

```

<210> 81

<211> 299

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R03, rGR03

<400> 81

```

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

```

<210> 82

<211> 6552

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R03, rGR03

<220>

<221> modified_base

<222> (1)..(6552)

<223> n = g, a, c 或 t

<400> 82

```

gcatggtgcc aacccaagtc accatcttct ctatcatcat gtatgtgctt gaggccttag 60
tcataattgt gcaaagttgc acaacggttg cagtgtgtt cagagagtgg atgcactttc 120
aaagactgtc gccggtggaa ataattctca tcagcctggg catttcacat ttctgtctac 180
agtggacatc gatgctgtac aactttggta cctactctag gcctgtcctt ttattttggg 240
aggtatcggt cgtctgggag ttcatgaacg ttttgacatt ctggctaacc agtttgcttg 300
ctgtcctcta ctgtgtcaag gtctcttcct tctctcacc cgtcttcctc tggctgaggt 360
tgaaaatttt gaaactggtt ctctgggttg tattgggcgc tctgatagct tcttgtttgt 420
caatcatccc ttctgttggt aaatatcata tccagatgga attactcacc ctagatcatt 480
tacccaaaaa cagttctttg attctaagac tgcaaatgtt cgagtgggat ttttctaate 540
ctttcaaaat gattgggttt ggcggttcct tcctcgtgtt cctgatttct atcatcttac 600
tcacagtctc gctggtccag cattgggggc agatgaaaca ctacagcagc agcagctcca 660
gcctgagagc tcagtgcact gttctgaagt ctcttgccac cttcttcac ttcttcacat 720
cctattttct gactatagtc gtctccttta ttggcaccgt gtttgataag aagtcatggt 780
tctgggtctg cgaagctgtc atctatggtt tagtctgtat tcacttcaact tccctgatga 840
tgagcaaccc tacactgaaa aaagcactca ggttgcagtt ctggagccca gagtcttcct 900
aaggcagggg attcagtga gacctgagg taaggaggct ttgcattggc acagttctta 960
gagtgaatg caaacgtgga cacgaacttc attctcttct atgtccacag atggatggat 1020
ctataaatca tcaccaatct tccctgtatt ctgacccatc cttttcctgt cctatccata 1080
gtccccaggt tggttttgat ttttctcatg atcacacctt agctttagcc accgttgcaa 1140
tatcaacat gatctatatg ttacagccaa aatcattctc acaattgtca attgcttcac 1200
aaattcagat aaatccccct tcctgtcagg aatgtattgt ctgtgcattc aatgctcacc 1260
atgctaagcc attcattccc ttcttaactt gaggtttaaga agaaaatgtc ttactgttgc 1320
ccatgtccta ttgtgctgct tctggatggt ttatgcagtg atttagacac acgcccttgc 1380
ctgtctccaa atactggccc ttatttcctt tataagtcta gtagaaaatg aactcgtctt 1440
tacttcattg acgaagacat tgtattcttc ccaaaaatag tgtttaacta ctctagtctc 1500
atccataata tccctaaata tcagtgattt cagttagtaa aacctgacaa cagttattgc 1560
tttgactctt aattcaattg tgctgtaaca tagaggaaac attctagaac atttccatat 1620
taatttgtgc tttagcaaa ccaaaattct cccagttgg gtaaaaatat caaaagcaca 1680
gagtaatcaa ttttgaaatc actcagaaga catcattggt ctatatatgt tttttttaa 1740
cttcctcta acaagtatca gatctttgcc ttacagggt ctggtcttac catgactata 1800

```

```

ttttatcacc atgacctatt ttctcttcat ctctttgttt tcactaactc agtagcaacc 1860
aaatatcaca ttaatagcta actctgggca cttatttctc agcctttatc tattccagac 1920
actttcaatg tatttctgct aaacacaatg acatctcttt ttgtgttcta acgacaagga 1980
atcataactt tccaactttt atacatggta gacatatttg gtgaacttaa cttctgactc 2040
tttctttaga agactgaaac tactccggaa agcaagcctt ctgatggaga aatagatacg 2100
ggatcgtga ttcatgtga aagtgaattc cgggtgcctgg aaagaaatgg atattttttt 2160
ttctcttgag tgtgtcactc tgacatatgt tccatgttga atccatattt gatactgata 2220
gcatgaatgt aagtaaagca tgtatgtaag taaagactgc taccaaaact tcgattcaac 2280
tttccicagc agtatccctg atattgcata agaaagaaaa aacacgctgt cctacttgaa 2340
gaaggacgtg ttccatgcaa tgtggatgtg tcccaggcta cattggctca actgcagctg 2400
aagggtggat gggaaatggt atagttagta atgtctgctg agctgtctca ctggaaagga 2460
ttctgagcag agtaaagtga agcaatgtgg ccaaggtctc ctaggaatgg gttgtaagct 2520
tgtaaggagt tgggttgtaa gagtttgga tcctttcaga atggattgag caagagccac 2580
tgaaacttgg actatacctt tgttatitgt atctaaatcc agaagggtct ttgcatgttc 2640
caaaatctca gatagctgga aggaagaagg actgttctct ttacaagtat ataaatagag 2700
aatgagctaa aaaggacccc ctcacccccg ccgtcacaca caggaatact attccagaaa 2760
ctagggagta tttttagtgt tctcactatt tccctttgaa aaaagtgcaa tggaaaactt 2820
atccatgaca tacatgaggt tggagtgata aaaacagctg aaggaagagg aagtctgaaa 2880
aaagatggaa acagcaatga tgcttgctct atatatgtgt gacacccact agttcccaag 2940
gaaaccttac atccattatc tcatttcaag ctggaaggac aagtcaagat cactcaaccg 3000
accagctgg aaaacagacc taagaatgtt aaactcatac tgatggttat ttctcactct 3060
aaagtcaatg caaatggata gcaaacaaag gggctatttt tttaaggagc cagagggttt 3120
caatctagaa tcagagaaaa gataaaaagg gagatgctat agaaaaacaa tagagaagat 3180
gtggccaaga acaaggaaaa tctccagtta gcttggcact taggggcca catgtttctg 3240
ttgttcggtc ttcaatactg tattgcatgt tgggtcact atgttttagt tgtgagtggg 3300
ttgtgcttcc tggaattaag aaaggtctgt ttctagattt caggtacaaa tgtttagaag 3360
cccattggta gcatcagtga aattaggaaa aaactgtgag cactgctggc tggacttggc 3420
aaagtcatc actatttaca catcaaatta ttagcaactt gaaagtaaat ctttgctcat 3480
catccagtgg ccccatgat cctggtgaat gacttgtaat actgtggaga ctggcaacga 3540
cgtgaattc ctagtaacac ttaccataga atctgttcat aattagactc gcccagattt 3600
tagttgctag agaacaatct ttctccttta cccacattcc tactgagtag gatgcatagg 3660
ttcggaaacc cccatggcat cgtttgactc ctctggttag tcaagagagt ccagtcacca 3720
gtctccgaaa cacctgcaa gtcctaactc ccaacagtct acagtgtaaa cctcagtgtt 3780
tgcatgaggt ttatgtatct cttaccatt tcctaaatgt caatacccg gcacaggata 3840
tttgcatagg ctgcctcaa gcctgggaaa cactctctc ctgcatttg ctgggtttca 3900
cctttccaat tcagtgtgcc ctttaaaagg cactgctttt ctaggccac cactattgct 3960
gctcacgcat gaacatcaaa tctaccacag gcttttgct ctcagaatta ttcttcttc 4020
tactatgcaa tgtggtatcc atgagaactt tgccacattg tcaaatctta ctttgtttt 4080
aatgngngcc ttgtaatag ngactatgcc cagaaattaa attatagtaa gatgggtaac 4140
aacncttcaa ttntggaatt tataattaa taaatattat gtaatattat gacttattat 4200
aangtcaatc tactgtaccc tactcctact aggaatgcaa agacaaatag caatgtgatc 4260
agcatgtgct ctttcacaag atcatattgt gcatgttgct gatgatgcc acagtgcac 4320
tatcagaata tctctgatca tttttttttt ttgtctttg agaagccccg gttggtgctg 4380
ggatgcttca tagcaggtcc accatagaca catgcttaga ggaaagctgc ctctctctct 4440

```

```

tcattcccaa ggaacagtaa aagcagaaaa ggctcttatg ttctaaagaa cagaaaaatag 4500
cctgcatttc aactacctcc tggtcagaag gcaccgaaac acaccaccaa gcaagacacc 4560
cctttacttt ctctgtcttc cctcaatttg atgatcattt ggaaataaga agaaagaaaa 4620
agatgtggaa gccaatataa aacagtcttg tctatctccc tggtagctc tcaacttctt 4680
agtcagacca aagtaggtga aaaaataata atttttaatt tggtagaga gtcattgtta 4740
ggctgaaaat cttaaaaaat cttagcataa aaacattttc ccctagaccc atgaaattta 4800
taatattatc tgtggttgag aaaggctagt tatagaaaaa tgtttagaat cagaatattt 4860
tgagggtctt tttttgttt tgcctaatca ttacatttgt tataagaagt ctaaaagttg 4920
gtatgttaca ggtcttgtca tattttctct gaggttgagt gccaagtagt ctgcattgtg 4980
tttaaatcct gcttaaaatt atccaagac aatataactt ctcaggagct aagccaaggg 5040
ccccttcag actaccttag tcctctctca cgttggtcac cgtggctcat acatcagaat 5100
cctgagggag catcatgaaa tctaaggctt tacaacagaa tctttctatc cctggtagaa 5160
atcttttaac ctggggtttt attctcatgc cattctgatg ctctattta aattttatgt 5220
gttttttcat atgttcttgc atttctatcg ttaaattatg gtgacatact ttcaaagtct 5280
ttgttatttt aaaaaggac aaagagagat agaaagacag ggaaagatag acagaggctt 5340
gcctaataca gtcaagaaag aagctatcaa aagtatttag caatacaaca tttatgatat 5400
attcataact gtaaccatt ttaatatc taaaatttca cttttgttcc agaaatgtat 5460
attaagagaa tctgagaac attttttct catagatgta gaaaaacaca caaataaagg 5520
tataacacat ttaagtgatt gaaataaaaa acaaaagctt gcaaacagga ggaaaagtac 5580
attgtaggct ttcgacatgg agctgtact aggaccagg acttgtttat catttatttg 5640
ccaagtccca caaactcagg gcaatacatc tctgagacag tttctatat ttaataaaa 5700
cttccaaaat tgatactcag tgtgaattgg ctagctttaa tggcagtcac tggataaaca 5760
attccaatgc caaatttccc taagtgata ttttgatta atatgtatat taaaacatca 5820
ggctatccat cggttggatc aaatacatc tttaggatc cattcttttc cttaaatttg 5880
acttatatgt ggattctttt cacaataaat aagtaaatga gcatttattt taaaactatt 5940
ttagacggaa ctgaattaca gccaaagtag tcaaatgac tgagaataat cacttacata 6000
tttacaaggg aaagtactc ttcagattta agtttaaat tagaagagag ataaatttca 6060
caagctttca ctctaaggc taaagatagg ctgtgtaggt agttatttct gagcacattg 6120
gcacatcacc attgtcagta cttgagggtt tgaatgaagc tcaactaaag aacttgaaa 6180
gaaggtgttc ttctgacatc aatcaagaaa caagctttcc tccctacttc ttccctaaat 6240
gcaacaacct aagaattatc cacaagatgg atggcgcaag ggcttctcaa tcaatttcag 6300
gatgtacatc aatgcgcagc ctatactaca ccgaaaagga agcgcaggg tcttaaaaag 6360
taaaggggat atcaaaaaat tcgcaaccaa acaaaaagt gcacacattt aagctaggtc 6420
tatgttttgt cagttacacc tggagaaggg ggacatttgg tcagctcatt cgaacactgt 6480
caagtcctac caacaattcc tctatgctat taccattaa acctcaggtc tcatcgaaaa 6540
aaaaaaaaaa aa 6552

```

<210> 83

<211> 308

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R04, rGR04

<400> 83

```

Met Leu Ser Ala Ala Glu Gly Ile Leu Leu Cys Val Val Thr Ser Glu
  1           5           10          15
Ala Val Leu Gly Val Leu Gly Asp Thr Phe Ile Ala Leu Ala Asn Cys
      20           25           30
Met Glu Tyr Ala Lys Asn Lys Lys Leu Ser Lys Ile Gly Phe Ile Leu
      35           40           45
Ile Gly Leu Ala Ile Ser Arg Ile Gly Val Val Trp Ile Ile Ile Leu
      50           55           60
Gln Gly Tyr Met Gln Val Phe Phe Pro His Ile Leu Thr Phe Gly Asn
      65           70           75           80
Ile Thr Glu Tyr Ile Thr Tyr Ile Trp Val Phe Leu Asn His Leu Ser
      85           90           95
Val Trp Phe Ala Thr Asn Leu Asn Ile Leu Tyr Phe Leu Lys Ile Ala
      100          105          110
Asn Phe Ser Asn Ser Val Phe Leu Trp Leu Lys Ser Arg Val Arg Val
      115          120          125
Val Phe Ile Phe Leu Ser Gly Cys Leu Leu Thr Ser Trp Leu Leu Cys
      130          135          140
Phe Pro Gln Phe Ser Lys Met Leu Asn Asn Ser Lys Met Tyr Trp Gly
      145          150          155          160
Asn Thr Ser Trp Leu Gln Gln Gln Lys Asn Val Phe Leu Ile Asn Gln
      165          170          175
Ser Leu Thr Asn Leu Gly Ile Phe Phe Phe Ile Ile Val Ser Leu Ile
      180          185          190
Thr Cys Phe Leu Leu Ile Val Phe Leu Trp Arg His Ile Arg Gln Met
      195          200          205
His Ser Asp Gly Ser Gly Leu Arg Asp Leu Asn Thr Glu Ala His Val
      210          215          220
Lys Ala Met Arg Val Leu Ile Ser Phe Ala Val Leu Phe Ile Leu His
      225          230          235          240
Phe Val Gly Leu Ser Ile Gln Val Leu Cys Phe Phe Leu Pro Gln Asn
      245          250          255
Asn Leu Leu Phe Ile Thr Gly Leu Ile Ala Thr Cys Leu Tyr Pro Cys
      260          265          270
Gly His Ser Ile Ile Leu Ile Leu Gly Asn Lys Gln Leu Lys Gln Ala
      275          280          285
Ser Leu Lys Ala Leu Gln His Leu Thr Cys Cys Glu Thr Lys Arg Asn
      290          295          300
Leu Ser Val Thr
305

```

<210> 84

<211> 3449

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R04, rGR04

<400> 84

```

tggttccatc acatgacaat aggcttgaaa aacttgcaga tagagaagac ataacccttc 60
caacaagaag ccaacatatg ggacattctc cagcagataa tttataacag atgcaacggg 120
agcaacttcg agatctgcaa agatgctgag tgcagcagaa ggcatcctcc tttgtgttgt 180
cactagttag gcagtgtggt gggttttagg agacacattc attgcacttg caaactgcat 240
ggagtatgcc aagaacaaga agctctctaa gattggtttc attctcattg gcttggcgat 300
ttccagaatt ggtgtcgtat ggataataat ttacagggg tatatgcaag tattttttcc 360
acacatactt acctttggaa acataactga atatattact tacatatggg tgtttctcaa 420
tcacttaagt gtctggtttg ctaccaacct caatatcctc tactttctaa agatagcaaa 480
tttttccaac tctgtatttc tctggtgaa aagtagagtc cgtgtggttt ttatctttct 540
gtcaggatgc ttacttacct cgtggttact atgttttcca caattttcaa agatgcttaa 600
caacagtaaa atgtactggg gaaacacgtc ttggctccag cagcagaaaa atgtcttcct 660
tattaaccaa agtttaacca atctgggaat ctctttttc attattgtat ccctgattac 720
ctgcttcctg ttgattgttt tcctctggag acacatcagg caaatgcaact cagatggttc 780
aggactcaga gacctcaaca cagaagctca tgtgaaagcc atgagagttc taatatcttt 840
tgcggtactc tttatcctgc atttcgtagg tctttccata caagtgtat gcttttttct 900
gccacaaaac aacctactct ttataactgg ttgatagcc acatgcctct atccctgtgg 960
tcactcaatc atcttaattc taggaacaa gcagctgaag caagcctcct tgaaggcact 1020
gcagcactta acgtgctgtg agacaaaaag aaatctctca gtcacataaa tgggtttgcc 1080
aattaatatc tgccatgtta ttccactgat tttacctgt tagtttctct gtgtctctgt 1140
ttagtttctg ttccatgat ctgtccattg atgagcgtgg ggtgttgaaa tctccgacta 1200
ttgttgtgtg agatgaaatg tgtgctttga gcttttagta gatttctttt gtgaatgtag 1260
gtgcttttgc atttggtgca tagatattta agattgagag ttcagcttgg tggatttttc 1320
ctttgatgaa tatgaagtgt ccttgcttat cttttttgat gacttttgat tgaacgtcaa 1380
ttttattgga tattagattg gcaactcaag attgcttctt gaggtcattt gcttggaag 1440
ttgtttttca gccatttact ctgaggtagt gtctgtcttt gtctctgagg tgtgtttcct 1500
gcattcagca aaatgctggg tcctctttac atatccagtt tgttagtcta tgtcttttta 1560
ttggggaatt gagtccattg atgttgagag atattaatga atagtgatca ttgcttctct 1620
ttattttcgt tgttagatgt ggaattatgt ttgtttgtct ctcttttggg ttattgcaa 1680
ggaaattata tacttgcttt ctgtatgggt tagtttctct ccttggttg cagttttcct 1740
tctattatcc tttgtagggc tagatttgaa gaaagatatt gcataagctt ggttttgtca 1800
tgggatatct tggtttctcc atctatgtta attgagagtt ttgcaggata tagtagcctg 1860
ggatgacatt tgtgttctct taggtctgt atgacatctg tccaaaatct tctggctttc 1920
atagtctctg gtgagaaatc ggatgtaatt ctcataagtc tgccattata tgctacttga 1980
cctttttccc ttattgcttt ttatgttctt tctttgtttt gtgcatttgg tgttctgatt 2040
attatgtgat gtgaggtatt tctcttctgg tcaaacttat ttggagtctt gtaggcttct 2100

```

```

tgtatgttta tgggcatctc tttctttagg ttatggatgt tttcttctat aattttgttg 2160
aatatatcta ctgtcccttt aagttaggag ccttcacttt cttctatacc tgttatcctt 2220
aggtttaate ttctcactgg atttccctga tgttttggac taggaacttt ttgcatttta 2280
cattatcttt gacaggtatt tcaatgtttt ctatggtatc ttctgccact gagattctct 2340
cttctagctc ttgtataatg ttggtgatgc ttgtacctgt gactccttgt ttcttcccta 2400
ggttttctat ctccagggtt gtctcccttt gtgctttttt tattgcttct atttccattc 2460
taaatecctgg atggttttgt tcaattcctt cacctctttg gttgtatttt cctgtaattc 2520
tttcagggat ttttgtgttt cctctttaag ggcttctact tgtttacttg tgttgtcctg 2580
tatttcttta aggtagtatt ttatgtcctt cttgaagtc tccatcatta tcaaaaaatg 2640
tgatttttaa atataaacct tgcttttctg gtgtgtttgg atgtcaagta ttttctttgc 2700
tgggagaact gggctctgat aatgccaaagt tgtttgattt ctggtgctta gtttctgtt 2760
cttgcccttc gccattgggt tttctctggt gtttgcctat cttgctgttt ctgagagtgg 2820
cttgacactc ttgtaggcat ctgtgtcagg cctcctgtag aactgtttcc ctgttttctt 2880
tcagcctttt ctgagaacag gtgctctgat ctgaggtgtg taggcattcc tggtgactat 2940
ctttcagctt taggagcagg caggaatcag aagggtcctg tccctgactg ctcctagatc 3000
cttgcaccca gggggcacag ttagcactag gcaattccct cttgtgtagg gaatgtgggt 3060
agaggatagt cgcctctgat ttctcaggaa tgtctgcact tctgaaagtc cagccctctc 3120
ccccacagga tttaggtgca gggagctgtt tgaccacttc aattcagtcc tgggtgtaga 3180
ccagaaccac aggtaaaaaa gaatgacttc attaaattag cagacaaatg ggtggaacta 3240
gaaaatgtca tcctgggctg gagagatggc tcagtgggtc agaccactgg ctgctcttcc 3300
agaggctctg agttcaattc ccaacaacta tatggtggct accaaccatt acaatgagat 3360
cagatgccct cctcttgtgt atctgaagag agtgacagtg tacttacata cataaaataa 3420
ataaataaat ctaaaaaaat gttaaaaaa 3449

```

<210> 85

<211> 309

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R05, rGR05

<400> 85

```

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

```

Ile Ile Glu Leu Ile Ser Tyr Leu Trp Ile Ile Thr Ser Gln Leu Asn
 85 90 95
 Val Trp Phe Ala Thr Ser Leu Ser Ile Phe Tyr Phe Leu Lys Ile Ala
 100 105 110
 Asn Phe Ser His His Ile Phe Leu Trp Leu Lys Arg Arg Ile Asn Ile
 115 120 125
 Val Phe Ala Phe Leu Ile Gly Cys Leu Leu Met Ser Trp Leu Phe Ser
 130 135 140
 Phe Pro Val Val Val Lys Met Val Lys Asp Lys Lys Met Leu Tyr Ile
 145 150 155 160
 Asn Ser Ser Trp Gln Ile His Met Lys Lys Ser Glu Leu Ile Ile Asn
 165 170 175
 Tyr Val Phe Thr Asn Gly Gly Val Phe Leu Leu Phe Ile Ile Met Leu
 180 185 190
 Ile Val Cys Phe Leu Leu Ile Ile Ser Leu Trp Arg His Ser Lys Trp
 195 200 205
 Met Gln Ser Asn Glu Ser Gly Phe Arg Asp Leu Asn Thr Glu Val His
 210 215 220
 Val Lys Thr Ile Lys Val Leu Leu Ser Phe Ile Ile Leu Phe Ile Leu
 225 230 235 240
 His Leu Ile Gly Ile Thr Ile Asn Val Ile Cys Leu Leu Val Pro Glu
 245 250 255
 Asn Asn Leu Leu Phe Val Phe Gly Leu Thr Ile Ala Phe Leu Tyr Pro
 260 265 270
 Cys Cys His Ser Leu Ile Leu Ile Leu Ala Asn Ser Arg Leu Lys Arg
 275 280 285
 Cys Phe Val Arg Ile Leu Gln Gln Leu Met Cys Ser Glu Glu Gly Lys
 290 295 300
 Glu Phe Arg Asn Thr
 305

<210> 86

<211> 1127

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R05, rGR05

<400> 86

aagagatttc agatactacc acaaacattt tttaaataata tgtaagtctt taaagaaaga 60
 agggaaagcc actcctttat tgagcagcca atagattgcc atcttaaaat tctgtggcag 120
 aagctatattt aaagatctgc gaagatgctg ggtgcaatgg aaggtgtcct cctttcagtt 180
 gcaactagtg aggctttgct tggcattgta gggaacacat tcattgcact tgtgaactgc 240

```

atggactgta ccaggaacaa gaatctctat aatattggct tcattctcac tggcttggca 300
atttcagaa tctgcctcgt gtggatctta atcacagagg catacataaa aatattctct 360
ccacagttag tgtctcctat caacataatt gaactcatca gttatctatg gataattacc 420
agtcaattga atgtttgggt tgctaccagc ctcagtatct tttatttcct caagatagca 480
aatttttccc accacatatt tctctgggta aaaagaagaa ttaatatagt tttgccttc 540
ctgatagggt gcttacttat gtcatggcta ttttctttcc cagtagttgt gaagatgggt 600
aaagataaaa aaatgctgta tataaactca tcttggcaaa tccacatgaa gaaaagttag 660
ttaatcatta actatgtttt caccaatggg ggagtatttt tactttttat aataatgtta 720
attgtatgtt ttctcttaat tatttcctt tggagacaca gcaagtggat gcaatcaaat 780
gaatcaggat tcagagatct caacacagaa gttcatgtga aaacaataaa agttttatta 840
tcttttatta tcctttttat attgcattta attggtatta ccatcaatgt catttgtctg 900
ttagtccag aaaataactt gttattcgtg tttggtttga cgattgcatt cctctatccc 960
tgctgccact cacttatcct aattctagca aacagccggc tgaaacgatg ctttgtaagg 1020
atactgcaac aattaatgtg ctctgaggaa ggaaaagaat tcagaaacac atgacagtct 1080
ggaagacaaa caatcagaaa tagtaagtga aaaaaaaaaa aaaaaaa 1127

```

<210> 87

<211> 297

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R06, rGR06

<400> 87

```

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

```

Val Lys Thr Lys Glu Arg Ile Asn Ser Thr Leu Arg Cys Lys Leu Asn
 145 150 155 160
 Lys Ala Gly Tyr Ala Ser Val Lys Val Asn Leu Asn Leu Val Met Leu
 165 170 175
 Phe Pro Phe Ser Val Ser Leu Val Ser Phe Leu Leu Leu Ile Leu Ser
 180 185 190
 Leu Trp Arg His Thr Arg Gln Met Gln Leu Asn Val Thr Gly Tyr Asn
 195 200 205
 Asp Pro Ser Thr Thr Ala His Val Lys Ala Thr Lys Ala Val Ile Ser
 210 215 220
 Phe Leu Val Leu Phe Ile Val Tyr Cys Leu Ala Phe Leu Ile Ala Thr
 225 230 235 240
 Ser Ser Tyr Phe Met Pro Glu Ser Glu Leu Ala Val Ile Trp Gly Glu
 245 250 255
 Leu Ile Ala Leu Ile Tyr Pro Ser Ser His Ser Phe Ile Leu Ile Leu
 260 265 270
 Gly Asn Ser Lys Leu Lys Gln Ala Ser Val Arg Val Leu Cys Arg Val
 275 280 285
 Lys Thr Met Leu Lys Gly Arg Lys Tyr
 290 295

<210> 88

<211> 1304

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R06, rGR06

<400> 88

gtgaggcctt agtaggaatc ttaggaaatg cattcattgc attggtaaac ttcatgggct 60
 ggatgaagaa taggaagatc actgctattg atttaatcct ctcaagtctg gctatgtcca 120
 ggatttgtct acagtgtata attctattag attgtattat attggtgcag tatccagaca 180
 cttacaacag gggtaaagaa atgaggatca ttgatttcct ctggacgctt accaaccatt 240
 taagtgtctg gtttgccacc tgcctcagca ttttctatctt cttcaagata gcaaacttct 300
 tccatcctct tttcctctgg ataaagtgga gaattgacaa gctaattctg aggactctac 360
 tggcatgctt gattctctcc ctatgcttta gcctcccagt cactgagaat ttggtgatg 420
 atttcagacg ctgtgtcaag acaaaagaaa gaataaactc tactctgagg tgcaaattaa 480
 ataaagctgg atatgcttct gtcaaggtaa atctcaactt ggatcatgctg ttcccccttt 540
 ctgtgtccct tgtctcattc cttctcttga ttctctccct atggagacac accaggcaga 600
 tgcaactcaa tgtaacaggg tacaatgatc ccagcacaac agctcatgtg aaagccacaa 660
 aagcagtaat ttccttctta gttctgttta ttgtctactg cctggccttt cttatagcca 720
 cttccagcta ctttatgcca gagagtgaat tagctgtaat ttgggggtgag ctgatagctc 780
 taatatatcc ctcaagccat tcatttatcc tgatccttgg gaacagtaaa ctaaacaggg 840

```

catctgtaag ggtgctttgt agagtaaaga ctatgttaaa gggaagaaaa tattagcatc 900
atggatatat ttgaagaaaa actatcactg tctaaagaaa aaggatgaca aatcattatc 960
tttcattctt atatgaatat tgctttcatg cggtaacatc ttttaacaaa cttaaataca 1020
atgttgggaa atctcatata cagcaacttt gcatgtctct ctgtctatct ccctctccct 1080
ttgtacatag ttgacataaa aaaagaattt tcatgacaaa attgtaataa atagctacag 1140
aggcagcaca ttttcatagt aagtcttgaa tcactcttcc aaatgcaaag ctgcctgaca 1200
aattcaaaac aactgtaaca gtatttcact gctgtttgca ttctttggaa aagcaggtgg 1260
tttgttcta tgacctgact tggagttttc ttcttacatc actg 1304

```

<210> 89

<211> 305

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R07, rGR07

<400> 89

```

Met Gly Ser Ser Leu Tyr Asp Ile Leu Thr Ile Val Met Ile Ala Glu
  1             5             10             15
Phe Ile Phe Gly Asn Val Thr Asn Gly Phe Ile Val Leu Thr Asn Cys
      20             25             30
Ile Ala Trp Leu Ser Lys Arg Thr Leu Ser Phe Ile Gly Trp Ile Gln
      35             40             45
Leu Phe Leu Ala Ile Ser Arg Val Val Leu Ile Trp Glu Met Leu Leu
      50             55             60
Ala Trp Leu Lys Tyr Met Lys Tyr Ser Phe Ser Tyr Leu Ala Gly Thr
      65             70             75             80
Glu Leu Arg Val Met Met Leu Thr Trp Val Val Ser Asn His Phe Ser
      85             90             95
Leu Trp Leu Ala Thr Ile Leu Ser Ile Phe Tyr Leu Leu Lys Ile Ala
      100            105            110
Ser Phe Ser Arg Pro Val Phe Leu Tyr Leu Lys Trp Arg Val Lys Lys
      115            120            125
Val Leu Leu Leu Ile Leu Leu Gly Asn Leu Ile Phe Leu Met Phe Asn
      130            135            140
Ile Leu Gln Ile Asn Thr His Ile Glu Asp Trp Met Asp Gln Tyr Lys
      145            150            155            160
Arg Asn Ile Thr Trp Asp Ser Arg Val Asn Glu Phe Val Gly Phe Ser
      165            170            175
Asn Leu Val Leu Leu Glu Met Ile Met Phe Ser Val Thr Pro Phe Thr
      180            185            190
Val Ala Leu Val Ser Phe Ile Leu Leu Ile Phe Ser Leu Trp Lys His

```

195	200	205
Leu Gln Lys Met His Leu Ser Ser Arg Gly Glu Arg Asp Pro Ser Thr		
210	215	220
Lys Ala His Val Asn Ala Leu Arg Ile Met Val Ser Phe Leu Leu Leu		
225	230	235
Tyr Ala Thr Tyr Phe Ile Ser Phe Phe Ile Ser Leu Ile Pro Met Ala		
245	250	255
His Lys Lys Gly Leu Asp Leu Met Phe Ser Leu Thr Val Gly Leu Phe		
260	265	270
Tyr Pro Ser Ser His Ser Phe Ile Leu Ile Leu Gly His Ser Asn Leu		
275	280	285
Arg His Ser Ser Cys Leu Val Ile Thr Tyr Leu Arg Cys Lys Glu Lys		
290	295	300
Asp		
305		

<210> 90

<211> 3994

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R07, rGR07

<220>

<221> modified_base

<222> (1).. (3994)

<223> n = g, a, c 或 t

<400> 90

```

cagtagcaaa attttactat gttcattgat attatgtcan gncactacgt aagaaggaag 60
acttgaaaga aagcttatct gagtttttaa gaatacatgg acatttcagc ttggcaaatg 120
acgagctgtg aatttttgtc atctggacat gggaagcagc ctgtatgata tcttaactat 180
tgtcatgatt gcagagttaa tattcggaat tgtgaccaat ggattcatag tgctgacaaa 240
ctgtattgct tggctcagta aaagaactct ttctttcatt ggttggatcc agcttttctt 300
ggccatttcc agagtgggtt tgatatggga aatgttacta gcatggctga aatatatgaa 360
gtattcattt tcatatttgg ctggcacaga attaagggtt atgatgttga cctgggtagt 420
ttccaatcac ttagtctctt ggcttgccac cattctaagc atcttttatt tgctcaaaat 480
agctagtttc tccagacctg ttttctgtta tctgaagtgg agagtaaaaa aagtgtcctt 540
gctgattctt ctcggaatatt taatcttctt gatgttcaat atattacaaa tcaacactca 600
catagaagac tggatggatc aatataagag aaatataacg tgggattcca gagtgaatga 660
atttgtgggg ttttcaaata tgggtttatt ggagatgatt atgttctctg taacaccatt 720
caccgtggct ctggtctcct tcacctgtt aatcttctct ttatggaaac atctccagaa 780
gatgcattct agttccagag gggaacgaga ccctagcaca aaagcccatg tgaatgcctt 840

```

gagaattatg gtctccttcc tcttactcta tgccacttac ttcatacct tttttatc 900
 attaattcct atggcacata aaaaaggact agatcttatg tttagcctaa ctgttggact 960
 tttctaccct tcaagccact catttatctt gattttggga cattctaac taaggcattc 1020
 cagttgtctg gtgataacct atctgagatg taaggaaaag gattagaaat tcactattcc 1080
 ataaggcagt taaaccacat gctattaggt atactcagt ctagatccct aggcaagcat 1140
 taacattaaa aatatataat ttctagattc ttctatttgt gataaaccac tcacttagaa 1200
 taatgctaaa gtagcgtgat gttgtatata agtgtaaag taaaatgtaa ttaatttagt 1260
 ttaggcacaa taacatatgt ctactaagta aaaactaggc aggctgctac acgcatatta 1320
 gaatccaggc tgaggatatat agactcaaga aatactgtgg aataaagatt ttaattttca 1380
 ttctatttgt agttatgtga aatcaatgcc attaaaggca tacacaagat tttcacacac 1440
 tgaaacaact tcttgcatth tgctatattg tattggaagt aaattggaga taaacttaat 1500
 atcaataaat taaaaaatgt aaacataaac aggggtgatta aaaattagcc tctaggtcct 1560
 ggggaaatga ttcaagtaaa gtgctttctt ttcaaatagg agaactctgat tgtaaatcat 1620
 ctaaaagtct ggcataaaat gtcaatgaaa attgtatgta aaatatagct atggcmaaga 1680
 gcaccmaaga aaagaaaatt tttgcctttg aaaccagta attgatatcc tttaaaaaag 1740
 cagttacata tttttctgtt taagattttg tcaaagggtg gctttgacaa ctaataaag 1800
 ctgaggaagg tagcaagtgt gaagtcagct aatgggggtc gtcaagtgt gttagcagca 1860
 gatggaggcc actgctgaat ttagcaggca atttacaggg tgagcactgc tagtgctgac 1920
 agaagaaaaa ctctgaaatt ttaactcttt aggggtctgtg gagaaagaaa aagagagaaa 1980
 atcgcataata tatatatata tatatatata tatatatata tatatatata 2040
 tcatggaagc tctaacaagt tgactcaaac aactttatga tgtttttagg cctttttatt 2100
 ttaatgtcag tgaattaggt gtggtacagc aatattgcta cttttaaat caaagcagtt 2160
 gttttatata ttattcatta tataagctaa ttataagttt aaatcaaaaag gtttatttgt 2220
 ccatgatttt actttatcat tgggcacacc tgtgctctca tccttgggtc tgacctagaa 2280
 tgaaagttha tccttgatca tatgtctgtc acaagactac ttctcttctc atagtagttt 2340
 atgtacttac aatatacaaa agtttattga attcctttta tcacttatgc agccttttct 2400
 tactattcta ttctattcta ttctattcta ttctattcta ttctattcta ttctattcta 2460
 ttctattcta ttctattcta gaactaacc tatacattca tttctggcaa aacaacttat 2520
 atcatctcct taattatttt atcaattaat ctaacatcct gaagtatttt aaatctaata 2580
 taaggactct gtaaagtcac aaatttattt atacttcaca aaattcatta ttttatggaa 2640
 ctgcagcatt gcctgggcca ggagtcacaa gagttccaga gttgacttta ttggcatctg 2700
 cctggctaac tgaaggatca gttttctgtg tacaataatt ttgtgtatct cttttgatgc 2760
 aagatatgaa aaataatttc agtctaaaag tgccttaaa tttgaaactc tctggccaga 2820
 atctaactat tgatgaccag tttgcaccat ggactcagt tcttctattg ctttaaaata 2880
 agcaacatct tgaatgcttt tcttgtgtat taggcaaata attaacaaca tgtttctatg 2940
 attgtctcaa taacaatact atatttctca cagtttttaa tttttatggc aaagtgggt 3000
 aataagaatt tttttcaaat tatcaaacgt gaagaaaact tgacatttta tttcatggag 3060
 attctaaatg ttttcttagc atattgcctt ttactaact tgatttttat catgttttgg 3120
 tagtatttct aattttcctt tttttctaag tatgttatgt agtaacacca ggagaatgaa 3180
 acaaatgaca tttatactaa ggatgtgaca aataaggccc aaagaaagt ttgaaaatca 3240
 tgatctcatt tctattcttc tttattaagt atagcataag caaaattctg atggtggtct 3300
 tggcccatat ctttgaacac agtgtagtgg tgaagacttt ttcaaatatt atgtcatatt 3360
 tgtacccatc tctgtacctt tttcttctga tttcatgagg aaaaaatgag gaagggtttg 3420
 tttgtgtgct ggagcagctg aagtggacca aggggcagga attctctctg ttcgggtccta 3480

```

gtgtgactga tgatgctctc attgaaaaac aggaagaaga agaaagactt tatatgcacc 3540
attcactcct tccccctcct acattccacc tccctcttga aagagtgtct atctatatag 3600
atatagctat cctgaaatcc attaagtaga cctgactggc ttaaattctca cagaaattca 3660
cctacctttt ccatgattgc tgaaattaaa gacatgtgcc gacatattgg gcacattcag 3720
accttttgcc aactgtcttt caactcattt ggacctactg agaagtattc aaaatatttg 3780
gttgttttta ataaaaggaa agtgggtcta tattacttga attggataga gaaattttca 3840
cttacaagtg atattgaaaa tgggggagaa tgtatttttag cataagcacc agaacacaaa 3900
gcaattcttg ttaaaacttt atcgataaat tggataaatg ttaaaaaaga aaaaataaaa 3960
tatacgaact attatgaaaa aaaaaaaaaa aaaa                                3994

```

<210> 91

<211> 314

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R08, rGR08

<400> 91

```

Met Glu Pro Val Ile His Val Phe Ala Thr Leu Leu Ile His Val Glu
  1             5             10            15
Phe Ile Phe Gly Asn Leu Ser Asn Gly Leu Ile Val Leu Ser Asn Phe
          20             25            30
Trp Asp Trp Val Val Lys Arg Lys Leu Ser Thr Ile Asp Lys Ile Leu
        35             40            45
Leu Thr Leu Ala Ile Ser Arg Ile Thr Leu Ile Trp Glu Met Tyr Ala
        50             55            60
Cys Phe Lys Ile Val Tyr Gly Ser Ser Ser Phe Ile Phe Gly Met Lys
        65             70            75            80
Leu Gln Ile Leu Tyr Phe Ala Trp Ile Leu Ser Ser His Phe Ser Leu
          85             90            95
Trp Phe Ala Thr Ala Leu Ser Ile Phe Tyr Leu Leu Arg Ile Ala Asn
        100            105            110
Cys Ser Trp Lys Ile Phe Leu Tyr Leu Lys Trp Arg Leu Lys Gln Val
        115            120            125
Ile Val Gly Met Leu Leu Ala Ser Leu Val Phe Leu Pro Gly Ile Leu
        130            135            140
Met Gln Arg Thr Leu Glu Glu Arg Pro Tyr Gln Tyr Gly Gly Asn Thr
        145            150            155            160
Ser Glu Asp Ser Met Glu Thr Asp Phe Ala Lys Phe Thr Glu Leu Ile
          165            170            175
Leu Phe Asn Met Thr Ile Phe Ser Val Ile Pro Phe Ser Leu Ala Leu
        180            185            190

```

Ile Ser Phe Leu Leu Leu Ile Phe Ser Leu Trp Lys His Leu Gln Lys
 195 200 205
 Met Gln Leu Ser Ser Arg Gly His Gly Asp Pro Ser Thr Lys Ala His
 210 215 220
 Arg Asn Ala Leu Arg Ile Met Val Ser Phe Leu Leu Leu Tyr Thr Ser
 225 230 235 240
 Tyr Phe Leu Ser Leu Leu Ile Ser Trp Ile Ala Gln Lys His His Ser
 245 250 255
 Lys Leu Val Asp Ile Ile Gly Ile Ile Thr Glu Leu Met Tyr Pro Ser
 260 265 270
 Val His Ser Phe Ile Leu Ile Leu Gly Asn Ser Lys Leu Lys Gln Thr
 275 280 285
 Ser Leu Trp Ile Leu Ser His Leu Lys Cys Arg Leu Lys Gly Glu Asn
 290 295 300
 Ile Leu Thr Pro Ser Gly Lys Pro Ile Asn
 305 310

<210> 92

<211> 1886

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R08, rGR08

<220>

<221> modified_base

<222> (1351)

<223> n = g, a, c 或 t

<400> 92

ctgcaggttg gtgatccagt aatgagcagc actgttatat ctcaggcttt ctaagatcat 60
 ggaacctgtc attcacgtct ttgccactct actaatacat gtggagttca tttttgggaa 120
 tctgagcaat ggattaatag tgttgtcaaa ctctctgggac tgggtcgtta aacgaaaact 180
 ttccacaatt gataaaattc ttcttacatt ggcaatttca agaactactc tcatctggga 240
 aatgtatgct tgttttaaaa ttgtatatgg ttcattctca tttatatttg ggatgaagtt 300
 acaaattctt tattttgcct ggatccttc tagtcacttc agcctctggt ttgccacagc 360
 tctcagcatc ttttacttac tcagaatagc taactgctcc tggaagatct tctgtatct 420
 gaaatggaga cttaaacaag tgattgtggg gatgttgctg gcaagcttggt tgttcttgcc 480
 tggaatcctg atgcaaagga ctcttgaaga gaggccctat caatatggag gaaacacaag 540
 tgaggattcc atggaaactg actttgcaaa gtttacagag ctgattcttt tcaacatgac 600
 tatattctct gtaataccat tttcattggc cttgatttct tttctctgct taatcttctc 660
 tttgtggaaa catctccaga agatgcagct cagttccaga ggacatggag accctagcac 720
 caaggcccac agaaatgctt tgagaattat ggtctccttc ctcttgctct acacttcata 780

```

tttctgtct cttcttatat catggattgc tcagaagcat cacagtaaac tggttgacat 840
tattgttatt attactgaac tcatgtatcc ttcagtccac tcatttatcc tgattctagg 900
aaattctaaa ttaaagcaga cttctctttg gatactgagt catttgaaat gtagactgaa 960
aggagagaat attttaactc catctggcaa accaattaac tagctgttat atattctgta 1020
ttgcaaacaa atcagtgagt tagtggttca aggattccat ccttgactta ttgtatcatg 1080
gaagtcatat agggagaggc tgaacaagct atcttctgta aattggcaag ggttgcatat 1140
agtactggta ctgggacacc atccaacccat aaaaccttct aaccataacc tacctgactg 1200
caagatatgc tgggacaatg gtggctcaga gattttggga ctggccaacc aatgtctatt 1260
ctttcttgag gctcactcaa taaggaggcc atgcccaact cgtcctggat ggccaggaac 1320
cagaatctct gatgsgcaa tgatctatgg nagaaccag cattactggg aaaaaagaat 1380
aatcactttg atgaatggtc aaatatttcc taaatatatt ctgatacact tgtacatcat 1440
ttctctttcc caatcatcat cacagggact tctccccagc acctgatggg aacagatacc 1500
aaaatctaca gccaaatact aaatgcaggt tggggaactc cacaaaagac tggaaggaag 1560
tactgtgaga gccagagtgg tccagaacac taggagaaca cagaacatcg aattaactaa 1620
gcagactca tagggttaat gtaaaataaa gcagcagtca catagactgc acaggtgtac 1680
tctagatcct ctgcatatat gttgtggttg tcaaacttgg gagttttgtt ggactaataa 1740
caatgtgaat aagtaagtct ctgacactta ttccgctct tggaaccctt ttccacattt 1800
tgtattgtct taccaccttg atatgaaggt ttctgaatag tccaaaaaaa aaaaaaaaaa 1860
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1886

```

<210> 93

<211> 309

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R09, rGR09

<400> 93

```

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

```

```

Asn Phe Ser His Tyr Ile Phe Leu Trp Leu Lys Arg Arg Thr Asp Lys
    115                120                125
Val Phe Ala Phe Leu Leu Trp Cys Leu Leu Ile Ser Trp Ala Ile Ser
    130                135                140
Phe Ser Phe Thr Val Lys Val Met Lys Ser Asn Pro Lys Asn His Gly
    145                150                155                160
Asn Arg Thr Ser Gly Thr His Trp Glu Lys Arg Glu Phe Thr Ser Asn
    165                170                175
Tyr Val Leu Ile Asn Ile Gly Val Ile Ser Leu Leu Ile Met Thr Leu
    180                185                190
Thr Ala Cys Phe Leu Leu Ile Ile Ser Leu Trp Lys His Ser Arg Gln
    195                200                205
Met Gln Ser Asn Val Ser Gly Phe Arg Asp Leu Asn Thr Glu Ala His
    210                215                220
Val Lys Ala Ile Lys Phe Leu Ile Ser Phe Ile Ile Leu Phe Ile Leu
    225                230                235                240
Tyr Phe Ile Gly Val Ala Val Glu Ile Ile Cys Met Phe Ile Pro Glu
    245                250                255
Asn Lys Leu Leu Phe Ile Phe Gly Leu Thr Thr Ala Ser Val Tyr Pro
    260                265                270
Cys Cys His Ser Val Ile Leu Ile Leu Thr Asn Ser Gln Leu Lys Gln
    275                280                285
Ala Phe Val Lys Val Leu Glu Gly Leu Lys Phe Ser Glu Asn Gly Lys
    290                295                300
Asp Leu Arg Ala Thr
305

```

<210> 94

<211> 2596

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R09, rGR09

<400> 94

```

ggacactgca gcagatctgc tatagaataa cagatacaaa catagcaacc tgcagagatg 60
ctcagtgcag cagaaggcat ccttctttcc attgcaactg ttgaagctgg gctgggagtt 120
ttaggaaca catttatgc cctggttaac tgcattgatt gggccaagaa caagaagctc 180
tctaagattg gtttccttct ctttggctta gcaacttcca gaatttttat tgtatggata 240
ttaattttag acgcatatgc aaagctattc tttccgggga agtatttgtc taagagtctg 300
actgaaatca tctcttgtat atggatgact gtgaatcaca tgactgtctg gtttgccacc 360
agcctcagca tcttctatct cctaaaaata gcaaattttt cccactatat atttctctgg 420
ttaaagagga gaactgataa agtatttgcc tttctcttgt ggtgtttatt aatttcattg 480

```

```

gcaatctcct tctcattcac tgtgaaagt atgaagagca atccaaagaa tcatggaaac 540
aggaccagt ggacacattg ggagaagaga gaattcacaa gtaactatgt tttaatcaat 600
attggagtca tttctctctt gatcatgacc ttaactgcat gtttcttggt aattatttca 660
ctttggaaac acagcaggca gatgcagtct aatgtttcag gattcagaga tctcaacact 720
gaagctcatg tgaaagccat aaaattttta atttcattta tcatcctttt catcttgtag 780
tttatagggt ttgcagtaga aatcatctgc atgtttatcc cagaaaacaa actgctattt 840
atttttggtt tgacaactgc atccgtctat ccctgctgtc actcagtcac tctaattcta 900
acaaacagcc agctgaagca agcctttgta aaggtagtgg agggattaaa gttctctgag 960
aacggaaaag atctcagggc cacatgagtc tggaacagaa atgggtagtc tggaataatt 1020
gtaaggaagt cgtagaaggt ctttttcatt tgtacagtgc tcttaccttg tttttgagga 1080
gatgtaaact tttttatttt tattttttat cctatgtgaa taagtgtgtg tgtgtgtgtg 1140
tgtgtttatg tgtgtgtgta tatatgtcta tgtgtgtttt aggaggttta agagggaaga 1200
gggaatagag gtatgttggt gtttttaaca tggatattca caggccaagg aacttgttct 1260
ctccttttac cttagggtag tgtcctttgt ggctgtcact ctgacagtct acactagtgt 1320
aactaagagc ttttagccag ttcacttgtc taaacctccc ttctcatggt agcagtgttc 1380
tgattacaga atcatgctgt cacatacagc tttttaacaa ggttcccata gacagaattc 1440
atgtcaaagc gaatgcacag ctgtcactct taccaccga tctctcttgc cagccattc 1500
ctattgactt taaactgtag tattaactt tactgaaatc ttctgcaacc agtctgacta 1560
tgtctcttga aatcacatga tatggtggaa ttttaatgcc atgtgaaaat ttgtttgttc 1620
agttagtttc ctactctgcc aaatcattct cttacacttg gcagaaaaaa accatcaact 1680
gtagactatt ttgtgtaaag actaatacag atagaataag tatcttaate aagatgtcat 1740
tgtgattatc ctaatttccc cagagcactg gttcccttc cccagaaaga ctcacaaagg 1800
aactgaggca aacagttgtg gtcactcttg atattttacca gttgaaactg aagaacagt 1860
tttctttctt gttcagtttt actacttaca gttactttat ttcatccatt aaatcccaa 1920
gtgcttatta atagtagata tttgatgaag caacaatggt tataagagtg gatgtggatc 1980
tatgacaaag atctagagaa acagactatt tgtgaaagat ggatgaaagc cctgatgaaa 2040
ggattcttca tggcttttga cccaggggag ttttgaaatc aagcagccac agatcaaaga 2100
gagctgagaa gaggttctcc tgaagaaaat atccaaacac atggtgccag ccaaagcaga 2160
aaatagtgga caattcagtc caggacctga atgaggtaga caatgtcctg ttaagggttg 2220
gaacaaatat atagatatgg tcattcatat acagaaacct acaggcgtgt ttgaactctt 2280
ggtttctcag taatcaattc ttaaattctt tttagaatgg attttttate atcattcatg 2340
atctctcagc agagtctgca ggggctaaga gacacactaa gagtatctgg aggggggagt 2400
gtcttctctg tctatcaacc ctaaagtca tatataacaa tacaaaattc cacattagtt 2460
aagttctttt ttttacatct ttattaaatt gggtatttct tatttacatt tcaaagtga 2520
ttccttttcc tggtttccag gccaatatcc ccctaacctc tccccttcta tgtgggtatt 2580
ccctcgtgcc gaattc 2596

```

<210> 95

<211> 137

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R10, rGR10

<400> 95

```

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

```

<210> 96

<211> 818

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R10, rGR10

<400> 96

```

cccggtctgc aggattcggc acgagaatga aaacttttgc tctactatct tgctgttctg 60
tgataccaca gaccataaaa caatcgagcc aagggatcaa gagctgaaac ttcagaaagt 120
gggaatcaaa tttccttcct gataggttag cttatgagaa ttcagcatct tattcaactt 180
cagaaaattg gatataagat acagtgtctg gatgaagccg aattgatcta ttgggggaga 240
aaaaacgcca acatttataa taaggtttta tgagacagtt cctgggaaat ttggatattt 300
cctagttagt aatgtgtaaa tgggatttta aaacatgatt attttgtatt ttaacaacc 360
aacatgagga gcttttttaa tgccacttag acattataaa ctgaagcatg ttcttacaca 420
caataaagca acgtgatatt tttactttga taatcatatt ttttgggaa ataacaatgg 480
gaatcttagg aaatggattc atagcactag tgaacattgt ggactggatc aagagaagaa 540
ggatttcttc agtggataag attctcacta ccttggccct taccagactc atttatgcgt 600
ggtctatgct catttttata ttgttattca tactgggccc gcatttgatt atgagatcag 660
aaatacttac atcaatgggt gttatctggg tggatgaaca tcacttcagc atctggcttg 720
ctacatgcct cgggtgtctt tattttctca agatagccaa tttttctaac tctttgtttc 780

```

tttacctaaa gtggagagtt aaaaaagtgg ttttaatg

818

<210> 97

<211> 105

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R11, rGR11

<220>

<221> MOD_RES

<222> (101)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 97

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

<210> 98

<211> 315

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R11, rGR11

<400> 98

ggatccggaa acggttttat cgtgtcagtc aatggcagcc attggttcaa gagcaagaag 60
 atttccttgt ctgacttcat cattaccagc ttggccctct tcaggatctt tctgctgtgg 120
 atcatcttta ctgatagcct cataatagtg ttctcttacc acgcccacga ctcagggata 180

```

aggatgcaac ttattgatgt tttctggaca ttacaaccc acttcagtat ttggcttata 240
tcctgtctca gtgttttcta ctgcctgaaa atagccactt tctcccaccc ctcattcttg 300
tagctcaaat ctaga                                     315

```

<210> 99

<211> 308

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R12, rGR12

<400> 99

```

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

```

Leu Val Leu Tyr Ala Leu Ser Tyr Val Ser Met Val Ile Asp Ala Thr
 245 250 255
 Val Val Ile Ser Ser Asp Asn Val Trp Tyr Trp Pro Trp Gln Ile Ile
 260 265 270
 Leu Tyr Leu Cys Met Ser Val His Pro Phe Ile Leu Ile Thr Asn Asn
 275 280 285
 Leu Lys Phe Arg Gly Thr Phe Arg Gln Leu Leu Leu Leu Ala Arg Gly
 290 295 300
 Phe Trp Val Thr
 305

<210> 100

<211> 1295

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R12, rGR12

<400> 100

gtgtgagga ctgtgggtag gggctgggag gaggccagga accaaggcaa ccagtgggtga 60
 caggaggggc tgaaatgcta tcaactgtat cagttttctt catgtcgatc ttgtttctgc 120
 tctgtttcct gggaatcctg gcaaacggct tcattgtgct gatgctgagc agggaatggc 180
 tatggcgcg taggctgctc ccctcagaca tgatcctcct cagtttgggc acctcccgat 240
 tctgccagca gtgcgttggg ctggtgaaca gtttctacta ttccctccac ctgtttgagt 300
 actccaggag ccttgcccgt caactcatta gtcttcacat ggacttcttg aactcagcca 360
 cttttctggt ttggcacctgg ctcagcgtec tgttctgtat caagattgct aacttctccc 420
 atcctgcctt cctgtggttg aagtggagat tcccagcatt ggtgccttgg ctcctactgg 480
 gctctatctt ggtgtccttc atcgttaactc tgatgttctt ttggggaaac cacactgtct 540
 atcaggcatt cttaaggaga aagttttctg ggaacacaac ctttaaggag tggaacagaa 600
 ggctggaaat agactatttc atgcctctga aacttgtcac cagtcattt ccttgctctc 660
 tttttctagt ctcaattttg ctgttgatca attctctcag aaggcattca caaagaatgc 720
 agcacaatgc tcacagcttg caagacccca acaccaggc tcacagcaga gccctgaagt 780
 cactcatctc atttctggtt ctttacgcgc tgctctatgt gtccatggtc attgacgcta 840
 cagttgtcat ctctcagat aacgtgtggt attggccctg gcaaattata ctttacttgt 900
 gcatgtccgt acatccattt atccttatca ctaataatct caagttccga ggcaccttca 960
 ggcagctact cctgttggcc aggggattct gggtagaccta gaaggtttgg tctctttatc 1020
 tgtacccttt gaagagactt aggtgagggt gacttccctt ggaagtgatc tcatctacat 1080
 ggaaatgtct ttgtaggctg acatggggtc atactatgtg gttcctcctt gggaaagagg 1140
 agaagaaaat acagggattc tgagcgttct tccttatctt gggatattat gaaaatggac 1200
 attctgaatc ctgaaccagt attgatctga agtgcaaagt acaatatgcc tgttcccttc 1260
 atgtctgcta tcctcttggg acttattaat tcctt 1295

<210> 101

<211> 332

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R13, rGR13

<400> 101

```

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

```

275	280	285
Phe Ile Ile Ile Leu Gly Asn Ser Lys Leu Arg Gln Arg Ala Met Arg		
290	295	300
Val Leu Gln His Leu Lys Ser Gln Leu Gln Glu Leu Ile Leu Ser Leu		
305	310	315
His Arg Leu Ser Arg Val Phe Thr Met Glu Ile Ala		320
325	330	

<210> 102

<211> 1287

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R13, rGR13

<400> 102

```

gggattcagt tggataagag aaaagtcaaa accctaagac taagaatttc cttaaagtaga 60
tatcaatttc tatccattgg aaggagtttc caatcacact gaaattacaa taaaaaagga 120
gcaagataac tatgggaaag gatgattttc ggtggatggt tgagaactga gcagcaaggc 180
aaattgatag atgtgtggat tccctctttc tattcaactg cttactggat tggttcaaat 240
gtacgtgata ttgataatag cagtgtttac acctggaatg ctggggaatg tgttcattgg 300
actggtaaac tactctgact gggtaaaaaa caagaaaatc acctcatca acttcatcct 360
gatctgtttg gcagcgtcca gaatcagctc tgtgttggtg gtatttattg atgcaatcat 420
cctagaacta actcctcatg tctatcattc ttacagtcga gtgaaatgct ctgatataatt 480
ctgggttata actgaccagc tgtcaacgtg gcttgccacc tgcctcagca ttttctactt 540
actcaaaata gccacttct cccatcccct tttcctttgg ttgaagtga gattgagagg 600
agtgtttgtt gggtttcttc tattttcttt gttctcattg attgtttatt ttctactcct 660
ggaattactg tctatttggg gagatattta tgtgatccct aaaagcaatc tgactttata 720
ttcagaaaca attaagaccc ttgcttttca aaagataatt gtttttgata tgctatattt 780
agtcccatct cttgtgtccc tagcctcatt gctcctttta tttttatcct tggatgaagca 840
ctcccaaac cttgacagga tttctaccac ctctgaagat tccagagcca agatccacaa 900
gaaggccatg aaaatgctat tatctttcct cgttctcttt ataattcaca ttttttgcatt 960
gcagttgtca cgggtggttat tctttttggt tccaacaac aggtcaacta attttctttt 1020
gttaacatta aacatcttcc cattatctca tacattcatt atcatcctgg gaaacagcaa 1080
gcttcgacaa agagcaatga gggcctgca acatcttaaa agccaacttc aagagttgat 1140
cctctccctt catagattgt ccagagtctt cactatggaa atagcttaaa ggggagactt 1200
ggaaggtcac tggtaacttg ttcttcgct gagttctgtt aagtaatgct ggacatatat 1260
gaactatccc tagtgcatat tgatatt                                     1287

```

<210> 103

<211> 68

<212> PRT

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R14, rGR14

<400> 103

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

<210> 104

<211> 206

<212> DNA

<213> 大鼠(Rattus sp.)

<220>

<223> 大鼠 T2R14, rGR14

<400> 104

```
ctgtggcaaa cataatggat tgggtcaaga gaaggaagct ctctgcagtg gatcagctcc 60
tcactgtgct ggccatctcc agaatcactc tgttgtggtc attgtacata ctgaaatcaa 120
cattttcaat ggtgccaaac tttgaggtag ctataccgtc aacaagacta actaatcttg 180
tctggataat ttctaaccat tttaaat                                     206
```

<210> 105

<211> 327

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R01, mGR01

<400> 105

```
Met Gln His Leu Leu Lys Thr Ile Phe Val Ile Cys His Ser Thr Leu
  1             5             10             15
Ala Ile Ile Leu Ile Phe Glu Leu Ile Ile Gly Ile Leu Gly Asn Gly
```

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

<210> 106

<211> 1374

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R01, mGR01

<400> 106

```

agctgtgcgt gagcaaagca tttcttgtct gccacttctg agctgtgtga ggagacacat 60
tatcacggaa agagattcag actctgtcgc tgtcaaacct gtatgtttgc tcctctttta 120
ctgtgaaggc agagttacga aaaaaaatgt tatgagaacc aactcagaaa ttgacaaaaa 180
ttttctaaat gtcattttta aaaattatat ttcaaattgga aatgtgagca aatctttata 240
actaatatat aaaatgcagc atctttttaa gacaatattt gttatctgcc atagcacact 300
tgcaatcatt ttaatctttg aattaataat tggaatttta ggaaatgggt tcatggccct 360
gggtgcactgt atggactggg ttaagagaaa gaaaatgtcc ttagttaata aaatcctcac 420
tgctttggca atctccagaa tttttcatct cagtttattg cttataagtt tagtcatatt 480
cttttcatat tctgatattc ctatgacttc aaggatgaca caagtcagta ataatgtttg 540
gattatagtc aatcatttca gtatctggct ttctacatgc ctcagtgtcc tttattttct 600
caagatatcc aatttttcta actctttttt tctttatcta aagtggagag ttgaaaaagt 660
agtttcagtt acactgttgg tgtcattgct cctcctgatt ttaaattttt tattaattaa 720
cttggaaatt agcatatgca taaaggaatg tcaaagaaac atatcatgca gcttcagttc 780
tcattactat gcaaagtgtc acaggcaggt gataaggctt cacattattt tcctgtctgt 840
ccccgttgtt ttgtccctgt caacttttct cctgctcatc ttctccctgt ggacacttca 900
ccagaggatg cagcagcatg ttcagggagg cagagatgcc agaaccacgg cccacttcaa 960
agccctacaa actgtgattg catttttcct actatattcc atttttattc tgtctgtctt 1020
aatacaaaata tgaattactg aagaaaaatc ttttcgttgt attttgtgag gttgtatata 1080
tagcttttcc gacattccat tcatatattc tgattgtagg agacatgaag ctgagacagg 1140
cctgcctgcc tctctgtatt atcgcagctg aaattcagac tacactatgt agaaatttta 1200
gatcactaaa gtactttaga ttatgttgta tattctagac aaaaattaac tgatacaaat 1260
gtcttttgta tttttcattt taaatatcct ttaattttga ctgcatgaaa ttgatttctg 1320
cttgcaatta tcactgatta aaactattaa taatttaact agttgtatac aagg      1374

```

<210> 107

<211> 327

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R02, mGR02

<400> 107

```

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

```

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

<210> 108

<211> 1759

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R02, mGR02

<400> 108

```

cagcacagtg aaaaactcat gggccacttg gtcacccagg gacaggcgac gctgttatat 60
gccaaagcttt ctatgaacat ggaatctgtc cttcacaact ttgccactgt actaatatac 120
gtggagttaa tttttgggaa tttagcaat ggattcatag tgttgtcaaa cttcttgac 180
tggttcatta acaaaaagct ttccttaata gataaaattc ttcttacatt ggcaatttca 240
agaatcactc tcctctggga aatatatgct tggtttaaaa gtttatatga tccatcttcc 300
tttttaattg gaatagaatt tcaaattatt tattttagct gggtccttcc tagtcacttc 360
agcctctggc ttgccacaac tctcagcgtc tttttttac tcagaatagc taactgctcc 420
tggcagatct ttctctatct gaaatggaga cttaaacac tgatttgtgg gatgtgtctg 480
ggaagcttgg tgttcttgct tggaaatctg atgcaaagca tgcttgaaga gaggttctat 540
caatatggaa ggaacacaag tgtgaatacc atgagcaatg accttgcaat gtggaccgag 600
ctgatctttt tcaacatggc tatgttctct gtaataccat ttacattggc cttgatttct 660
tttctcctgc taatcttctc tttgtggaaa catctccaga agatgcagct catttccaga 720
agacacagag accctagcac caaggcccac atgaatgcct tgagaattat ggtgtccttc 780
ctcttgctct ataccatgca tttcctgtct cttcttatat catggattgc tcaaaagcat 840
cagagtgaac tggctgatat tattggtatg ataactgaac tcatgtatcc ttcagtccat 900
tcatgtatcc tgattctagg aaattctaaa ttaaagcaga cttctctttg tatgctgagg 960
catttgagat gtagctgaa aggagagaat atcacaattg catatagcaa ccaaataact 1020
agctttttgt tattctgtgt tgcaaacaaa tctatgaggt agttgttcaa ggaatccttc 1080
cttgacttat tgtatcatgg aagtcatatg ggggagtctg aaagagctgt cttctgtaag 1140
caaggtttgt atacactagt ggggctggga caccaacca agcacaaaac ctagctataa 1200
cctatcctgg ctgcaggata tgctggaaca atggtggctt ggaaattgtg ggactggcaa 1260
agcaatagct agtctaactt gaggccatt ccacagcagg aagctcatgc ccacctctgc 1320
ctggatggcc aggaagcaaa atcttgatgg cccaagacc tatggtaaac tgaacactac 1380
tggaaaaaga aagactcgtg ttaatgatct atcaaatatt tcctaagat attctgataa 1440
actcatatat tagtcctgt cctaatcatc atcactggga ctcttccca gcacctgatg 1500
ggagcagata gagatctaca tccaaatagt aagtgtatct tggggaactc cacttaagaa 1560
tagaaggaac aattatgaga gccagagtga tccagaacac taggatcaca gaatcaacta 1620
agcagcatgc ataggggtta atggagactg aagtggcaat cacagagcct gcataggtct 1680
acactaagtc ctctgtgtat atactgtggc tgttttagctt aggaattttg ttggactcct 1740
aacaatggat aaggaattc

```

<210> 109

<211> 312

<212> PRT

<213> 小鼠 (Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R03, mGR03

<400> 109

```

Met Val Leu Thr Ile Arg Ala Ile Leu Trp Val Thr Leu Ile Thr Ile
 1           5           10           15
Ile Ser Leu Glu Phe Ile Ile Gly Ile Leu Gly Asn Val Phe Ile Ala
      20           25           30
Leu Val Asn Ile Ile Asp Trp Val Lys Arg Gly Lys Ile Ser Ala Val
      35           40           45
Asp Lys Thr Tyr Met Ala Leu Ala Ile Ser Arg Thr Ala Phe Leu Leu
      50           55           60
Ser Leu Ile Thr Gly Phe Leu Val Ser Leu Leu Asp Pro Ala Leu Leu
      65           70           75           80
Gly Met Arg Thr Met Val Arg Leu Leu Thr Ile Ser Trp Met Val Thr
      85           90           95
Asn His Phe Ser Val Trp Phe Ala Thr Cys Leu Ser Ile Phe Tyr Phe
      100           105           110
Leu Lys Ile Ala Asn Phe Ser Asn Ser Ile Phe Leu Val Leu Lys Trp
      115           120           125
Glu Ala Lys Lys Val Val Ser Val Thr Leu Val Val Ser Val Ile Ile
      130           135           140
Leu Ile Met Asn Ile Ile Val Ile Asn Lys Phe Thr Asp Arg Leu Gln
      145           150           155           160
Val Asn Thr Leu Gln Asn Cys Ser Thr Ser Asn Thr Leu Lys Asp Tyr
      165           170           175
Gly Leu Phe Leu Phe Ile Ser Thr Gly Phe Thr Leu Thr Pro Phe Ala
      180           185           190
Val Ser Leu Thr Met Phe Leu Leu Leu Ile Phe Ser Leu Trp Arg His
      195           200           205
Leu Lys Asn Met Cys His Ser Ala Thr Gly Ser Arg Asp Val Ser Thr
      210           215           220
Val Ala His Ile Lys Gly Leu Gln Thr Val Val Thr Phe Leu Leu Leu
      225           230           235           240
Tyr Thr Ala Phe Val Met Ser Leu Leu Ser Glu Ser Leu Asn Ile Asn
      245           250           255
Ile Gln His Thr Asn Leu Leu Ser His Phe Leu Arg Ser Ile Gly Val
      260           265           270
Ala Phe Pro Thr Gly His Ser Cys Val Leu Ile Leu Gly Asn Ser Lys
      275           280           285
Leu Arg Gln Ala Ser Leu Ser Val Ile Leu Trp Leu Arg Tyr Lys Tyr
      290           295           300
Lys His Ile Glu Asn Trp Gly Pro
      305           310

```

<210> 110

<211> 1484

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R03, mGR03

<400> 110

```

ctttaatagc aggggtgtgaa tatttaaatt ttctttctgc agcaactact gagggcttca 60
gactgctgta tacagggcac gaagcatctg gatgaagttc agctgtgctg cctttgacaa 120
caattttttg tgtatgtgtg gagaacataa accatttcat tagtgaaatt tggccttttg 180
gtgacattgt ctatgatagt tctgaaagt attatgttaa gaatcagaca cagccgtcta 240
gaagattgta ttaacacatc tttggtagtt cagaagaaat tagatcatca tgggtgtgac 300
aataagggct attttatggg taacattgat aactattata agtctggagt ttatcatagg 360
aatttttagga aatgtattca tagctctcgt gaacatcata gactgggtta aaagaggaaa 420
gatctctgca gtggataaga cctatatggc cctggccatc tccaggactg cttttttatt 480
gtcactaatc acagggttct tgggtatcatt attggaccca gctttattgg gaatgagaac 540
gatggtaagg ctcttacta tttcctggat ggtgaccaat catttcagt tctggtttgc 600
aacatgcctc agtatctttt attttctcaa gatagctaatt ttctcaaatt ctattttcct 660
tgtttcctaa tgggaagcta aaaaagtggg atcagtgaca ttggtgggtat ctgtgataat 720
cttgatcatg aacattatag tcataaacia attcactgac agacttcaag taaacacact 780
ccagaactgt agtacaagta acactttaaa agattatggg ctctttttat tcattagcac 840
tgggtttaca ctaccccat tcgctgtgtc tttgacaatg tttcttctgc tcatcttctc 900
cctgtggaga catctgaaga atatgtgtca cagtgccaca ggctccagag atgtcagcac 960
agtggccccc ataaaaggct tgcaaacctg ggtaaccttc ctgttactat atactgcttt 1020
tggtatgtca cttctttcag agtctttgaa tattaacatt caacatacaa atcttcttcc 1080
tcatttttta cggagtatag gagtagcttt tcccacaggc cactcctgtg tactgattct 1140
tggaacacag aagctgaggc aagcctctct ttctgtgata ttgtggctga ggtataagta 1200
caaacatata gagaattggg gccctaaat catatcaggg atccttttcc acattctaga 1260
aaaaaatcag ttaataagaa caggaattta ggaaggaatc tgaaattatg aatctcatag 1320
gccatgaacc ttcagacaaa ggattcatta gagagataga gagagaacat tggtatctgt 1380
aactcgacag gcaacactgt agattatgaa aataaatgtc agtctgtaat ggaaagcaaa 1440
acatgctata ttttattaat tggttttggt ttaaggtcgg gata 1484

```

<210> 111

<211> 302

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R04, mGR04

<400> 111

Met Leu Ser Ala Leu Glu Ser Ile Leu Leu Ser Val Ala Thr Ser Glu

1

5

10

15

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

<210> 112

<211> 1529

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R04, mGR04

<400> 112

```

ctgcagcagg taaatcacac cagatccagc agaagccttc ttggaaattg gcagagatgc 60
tgagtgcact ggaaagcatc ctcttttctg ttgccactag tgaagccatg ctgggagttt 120
tagggaacac atttattgta cttgtaaact acacagactg ggtcaggaat aagaaactct 180
ctaagattaa ctttattctc actggccttag caatttccag gatttttacc atatggataa 240
taacttttaga tgcatatata aaggttttcc ttctgactat gcttatgccg agcagtctac 300
atgaatgcat gagttacata tgggtaatta ttaacatctt gagcgttttg tttagcacca 360
gcctcggcat cttttatttt ctgaagatag caaatttttc ccactacata tttctctgga 420
tgaagagaag agctgataaa gtttttgtct ttctaattgt attcttaatt ataacgtggc 480
tagcttcctt tccgctagct gtgaaggtca ttaaagatgt taaaatatat cagagcaaca 540
catcctggct gatccacctg gagaagagt agttacttat aaactatgtt tttgccaata 600
tggggcccat ttccctcttt attgtagcca taattgcttg tttcttgta accatttccc 660
tttgagaca cagcaggcag atgcaatcca ttggatcagg attcagagat ctcaacacag 720
aagctcacat gaaagccatg aaagttttaa ttgcatttat catcctcttt atcttatatt 780
ttttgggtat tctcatagaa acattatgct tgtttcttac aaacaataaa cttctcttta 840
tttttggtt cactttgtca gccatgtatc cctgttgcca ttcctttatc ctaattctaa 900
caagcagga gctgaagcaa gacactatga gggcactgca gagattaaaa tgctgtgaga 960
cttgacagag aaatgaatgt tctggcacag ttcagcaggg aatccctgga gccctttcca 1020
ttcccactat gttctcacac tgtctttagt tgaattgta aaagttttg aaaccttttg 1080
caactgattg actgcagcta cgccagtgt agattttcat agtaagagca aacattgaaa 1140
ataagacttc tcagtcttat ttcatgtagt ttctaaagca ttgacacca ttcaccagaa 1200
aaaccaaagg ggaagagagg agttttcaga catgtgtgat gaatcttgat atttaggaca 1260
tggaattgag gagccagagg gatgctaccg tgtgtctaca gctttgttg ttaaatagct 1320
acttttcctt tcccagttag ttaaagtaga tgcttgaggt agtggtgaaa atcatggcag 1380
tagatgggat ctgtgggaag tggttgagga agcaggctgt ttctgaacga agagaccaga 1440
ggactgattg aactgggtcat tgtgtatata aaaaatagtg atttcagatg aagccaagtt 1500
gtagagcaaa gatattctgag gaagaattc 1529

```

<210> 113

<211> 300

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R05, mGR05

<400> 113

```

Met Leu Ser Ala Ala Glu Gly Ile Leu Leu Ser Ile Ala Thr Val Glu
  1             5             10             15
Ala Gly Leu Gly Val Leu Gly Asn Thr Phe Ile Ala Leu Val Asn Cys
          20             25             30
Met Asp Trp Ala Lys Asn Asn Lys Leu Ser Met Thr Gly Phe Leu Leu

```

```

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

```

<210> 114

<211> 903

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R05, mGR05

<400> 114

atgctgagtg cggcagaagg catcctcctt tccattgcaa ctgttgaagc tgggctggga 60

```

gttttaggga acacatttat tgcactggta aactgcatgg actgggcaa gaacaataag 120
ctttctatga ctggcttcct tctcatcggc ttagcaactt ccaggatattt tattgtgtgg 180
ctattaactt tagatgcata tgcaaagcta ttctatccaa gtaagtattt ttctagtagt 240
ctgattgaaa tcatctctta tatatggatg actgtgaatc acctgactgt ctggtttgcc 300
accagcctaa gcatcttcta tttcctgaag atagccaatt tttccgactg tgtattttctc 360
tggttgaaga ggagaactga taaagctttt gtttttctct tggggtgttt gctaacttca 420
tgggtaatct ctttctcatt tgttgtgaag gtgatgaagg acggtaaagt gaatcataga 480
aacaggacct cggagatgta ctgggagaaa aggcaattca ctattaacta cgttttcctc 540
aatattggag tcatcttctc ttttatgatg accttaactg catgtttctt gttaattatg 600
tcactttgga gacacagcag gcagatgcag tctggtgttt caggattcag agacctcaac 660
acagaagctc atgtgaaagc cataaaattt ttaatttcat ttatcatcct tttcgtcttg 720
tattttatag gtgtttcaat agaaattatc tgcataatga taccagaaaa caaactgcta 780
tttatttttg gtttcacaac tgcattccata tacccttgct gtcactcatt tattctaatt 840
ctatctaaca gccagctaaa gcaagccttt gtaaaggtag tgcaaggatt aaagttcttt 900
tag 903

```

<210> 115

<211> 308

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R06, mGR06

<400> 115

```

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

```

Pro Gln Thr Val Lys Ile Phe Asn Val Lys Lys Gln His Arg Asn Val
 145 150 155 160
 Ser Trp Gln Val Tyr Leu Tyr Lys Asn Glu Phe Ile Val Ser His Ile
 165 170 175
 Leu Leu Asn Leu Gly Val Ile Phe Phe Phe Met Val Ala Ile Ile Thr
 180 185 190
 Cys Phe Leu Leu Ile Ile Ser Leu Trp Lys His Asn Arg Lys Met Gln
 195 200 205
 Leu Tyr Ala Ser Arg Phe Lys Ser Leu Asn Thr Glu Val His Val Lys
 210 215 220
 Val Met Lys Val Leu Ile Ser Phe Ile Ile Leu Leu Ile Leu His Phe
 225 230 235 240
 Ile Gly Ile Leu Ile Glu Thr Leu Ser Phe Leu Lys Tyr Glu Asn Lys
 245 250 255
 Leu Leu Leu Ile Leu Gly Leu Ile Ile Ser Cys Met Tyr Pro Cys Cys
 260 265 270
 His Ser Phe Ile Leu Ile Leu Ala Asn Ser Gln Leu Lys Gln Ala Ser
 275 280 285
 Leu Lys Ala Leu Lys Gln Leu Lys Cys His Lys Lys Asp Lys Asp Val
 290 295 300
 Arg Val Thr Trp
 305

<210> 116

<211> 1242

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R06, mGR06

<400> 116

tatagttgca gcagaagcaa cgtagggat ctgtagagat gctgactgta gcagaaggaa 60
 tcctcctttg ttttgtaact agtggttcag tcctgggagt tctaggaaat ggatttatcc 120
 tgcattgcaa ctacattaac tgtgtcagaa agaagttctc cacagctggc tttattctca 180
 caggcttggc tatttgcaga atctttgtca tatgtataat aatctctgat ggatatttaa 240
 aattgttttc tccacatatg gttgcctctg atgcccacat tatagtattt tcttacatat 300
 gggttaattat caatcataca agtatatggt ttgccaccag cctcaacctc ttctatctcc 360
 tgaagatagc aaatttttct cactacatct tcttctgctt gaagagaaga atcaatacag 420
 tatttatctt tctcctggga tgcttattta tatcatggtc aattgcttcc ccacaaacag 480
 tgaagatatt taatgttaaa aagcagcaca gaaatgtttc ctggcagggt tacctctata 540
 agaatgagtt cattgtaagc cacattcttc tcaacctggg agttatatcc ttctttatgg 600
 tggctatcat tacatgcttc ctattaatta tttcactttg gaaacataac agaaagatgc 660
 agttgtatgc ctcaagattc aaaagcctta acacagaagt acatgtgaaa gtcattgaaag 720

```

ttttaatttc ttttattatc ctgttaatct tgcatttcat agggattttg atagaaacat 780
tgagcttttt aaaatatgaa aataaactgc tacttatattt gggtttgata atttcatgca 840
tgtatccttg ctgtcattca tttatcctaa ttctagcaaa cagtcagctg aagcaggctt 900
ctttgaaggc actgaagcaa ttaaaatgcc ataagaaaga caaggacgtc agagtgacat 960
ggtagactta tggagaaatg aatggtcaca agaaatagcc tgggtgtggag atgttgatat 1020
ctctaaagac cgtttcactt ccaaattctt gcaattattt aaaaaaaaaa gtcttgctga 1080
tatcatggaa tcatgggaaa tgttgcaatt gtgttttggg gacagggtga ccagtgaagg 1140
tatggttaag cagcgaaca ctcatacagc tcgttcgttc tttttgtatt ttattttgtg 1200
ttggtggcct tccaagacat gatttctcta tgtaagtttt gg 1242

```

<210> 117

<211> 308

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R07, mGR07

<400> 117

```

Met Leu Asn Ser Ala Glu Gly Ile Leu Leu Cys Val Val Thr Ser Glu
  1             5             10            15
Ala Val Leu Gly Val Leu Gly Asp Thr Tyr Ile Ala Leu Phe Asn Cys
      20             25            30
Met Asp Tyr Ala Lys Asn Lys Lys Leu Ser Lys Ile Gly Phe Ile Leu
      35             40            45
Ile Gly Leu Ala Ile Ser Arg Ile Gly Val Val Trp Ile Ile Ile Leu
      50             55            60
Gln Gly Tyr Ile Gln Val Phe Phe Pro His Met Leu Thr Ser Gly Asn
      65             70            75            80
Ile Thr Glu Tyr Ile Thr Tyr Ile Trp Val Phe Leu Asn His Leu Ser
      85             90            95
Val Trp Phe Val Thr Asn Leu Asn Ile Leu Tyr Phe Leu Lys Ile Ala
      100            105            110
Asn Phe Ser Asn Ser Val Phe Leu Trp Leu Lys Arg Arg Val Asn Ala
      115            120            125
Val Phe Ile Phe Leu Ser Gly Cys Leu Leu Thr Ser Trp Leu Leu Cys
      130            135            140
Phe Pro Gln Met Thr Lys Ile Leu Gln Asn Ser Lys Met His Gln Arg
      145            150            155            160
Asn Thr Ser Trp Val His Gln Arg Lys Asn Tyr Phe Leu Ile Asn Gln
      165            170            175
Ser Val Thr Asn Leu Gly Ile Phe Phe Phe Ile Ile Val Ser Leu Ile
      180            185            190

```

Thr Cys Phe Leu Leu Ile Val Phe Leu Trp Arg His Val Arg Gln Met
 195 200 205
 His Ser Asp Val Ser Gly Phe Arg Asp His Ser Thr Lys Val His Val
 210 215 220
 Lys Ala Met Lys Phe Leu Ile Ser Phe Met Val Phe Phe Ile Leu His
 225 230 235 240
 Phe Val Gly Leu Ser Ile Glu Val Leu Cys Phe Ile Leu Pro Gln Asn
 245 250 255
 Lys Leu Leu Phe Ile Thr Gly Leu Thr Ala Thr Cys Leu Tyr Pro Cys
 260 265 270
 Gly His Ser Ile Ile Val Ile Leu Gly Asn Lys Gln Leu Lys Gln Ala
 275 280 285
 Ser Leu Lys Ala Leu Gln Gln Leu Lys Cys Cys Glu Thr Lys Gly Asn
 290 295 300
 Phe Arg Val Lys
 305

<210> 118

<211> 1754

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R07, mGR07

<400> 118

ttcataatga agaggaggca gggcaatggt ggtttctggt gtctgaccag tgtatttgac 60
 agtgatacta cacatttgat tgctaaatgc aaatagttcc aaaggaacaa gtaaatttta 120
 tgaaatagaa gcttctatgt gcttattaac aaactgcaag caaacattag tctgcacaca 180
 ttttatagac aagctaaatc ttcaaaagca ataaaaaaga gcaccataa agttctgact 240
 ctatcacatg acaataggct tgaaaagatt gtctatgtag ataaagaaga tggcataact 300
 tctccatcaa gaagccagta tatgggacat tctccagcag ataatttaca atagatgcag 360
 cagaagtaac cttagagatc tgtaaagatg ctgaattcag cagaaggcat cctcctttgt 420
 gttgtcacta gtgaggctgt gctcggagtt ttaggggaca catatattgc actttttaac 480
 tgcattggact atgctaagaa caagaagctc tctaagatcg gtttcattct cattggcttg 540
 gcgattttcca gaattgggtgt tgtatggata ataattttac aagggtatat acaagtattt 600
 tttccacaca tgcttacctc tggaacata actgaatata ttacttacat atgggtattt 660
 ctcaatcact taagtgtctg gtttgcacc aacctcaaca tcctctactt tctaaagata 720
 gctaattttt ccaactctgt atttctctgg ctgaaaagga gactcaatgc agtttttata 780
 tttctgtcag gatgcttact tacctcatgg ttactatggt ttccacaaat gacaaagata 840
 cttcaaaata gtaaaatgca ccagagaaac acatcttggg tccaccagcg gaaaaattac 900
 tttcttatta accaaagtgt gaccaatctg ggaatctttt tcttcattat tgtatccctg 960
 attacctgct ttctgttgat tgttttctc tgagacatg tcagacaaat gcactcagat 1020
 gtttcaggat tcagagacca cagcacaaaa gtacatgtga aagctatgaa atttctaata 1080

```

tcttttatgg tcttctttat tctgcatttt gtaggccttt ccatagaagt gctatgcttt 1140
attctgccac aaaataaact gctctttata actggtttga cagccacatg cctctatccc 1200
tgcggtcact caatcatcgt aatttttagga aataagcagt taaagcaagc ctctttgaag 1260
gcactgcagc aactaaaatg ctgtgagaca aaaggaaatt tcagagtcaa ataatgggt 1320
ttgcaaataa atagctgcct tgttcttcca ctggttttta ccctgttagt tgatgttatg 1380
aaaagttcct gctatggttg atgacatctc aaggaatcta ttttctggt ggcatgttaa 1440
gtccacgtga agcctcactt catactgtga cttgactatg caaattcttt ccacaaaata 1500
accagataac attcagcctg gagataaatt catttaaagg cttttatggt gaggataaac 1560
aaaaaaaaa aatcattttt ctgtgattca ctgtaactcc caggatgagt aaaagaaaac 1620
aagacaaatg gttgtgatca gcctttgtgt gtctagacag agctaggac cagatgttga 1680
tgcttgtgtg tggttttgag ttctttaaga agttattgcc tctctgcat tcggtattcc 1740
tcaggtgaga attc 1754

```

<210> 119

<211> 297

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R08, mGR08

<400> 119

```

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

```

	165	170	175
Val	Ala Ser Leu Val Leu Asn Ser Leu Leu Gln Phe Met Leu Asn Val		
	180	185	190
Thr	Phe Ala Ser Leu Leu Ile His Ser Leu Arg Arg His Ile Gln Lys		
	195	200	205
Met	Gln Arg Asn Arg Thr Ser Phe Trp Asn Pro Gln Thr Glu Ala His		
	210	215	220
Met	Gly Ala Met Arg Leu Met Ile Cys Phe Leu Val Leu Tyr Ile Pro		
225	230	235	240
Tyr	Ser Ile Ala Thr Leu Leu Tyr Leu Pro Ser Tyr Met Arg Lys Asn		
	245	250	255
Leu	Arg Ala Gln Ala Ile Cys Met Ile Ile Thr Ala Ala Tyr Pro Pro		
	260	265	270
Gly	His Ser Val Leu Leu Ile Ile Thr His His Lys Leu Lys Ala Lys		
	275	280	285
Ala	Lys Lys Ile Phe Cys Phe Tyr Lys		
	290	295	

<210> 120

<211> 1475

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R08, mGR08

<400> 120

```

aagcttgttt gtaattaggc attcctaaga aaataagaac aggagtgaag aaatagtaat 60
ttaatccttg aaagatttgc atctcagtaa aagcagctgc ctcttagacc agaaatgggtg 120
tttgccatgc tggaaaataa aaaggagacc tctttccagg ctgcatcctg tgtctgctta 180
cttatttcag ttgttttca tcggcaccaa acgaggaaag atgctctggg aactgtatgt 240
atttgtgttt gctgcctcgg tttttttaa tttttagga atcattgcaa atctatttat 300
tatagtata attattaaga cttgggtcaa cagtcgcaga attgcctctc cggaataggat 360
cctgttcagc ttggccatca ctagattcct gactttgggg ttgtttctac tgaacagtgt 420
ctacattgct acaaatactg gaaggtcagt ctacttttcc acatttttcc tattgtgttg 480
gaagtttctg gatgcaaca gtctctggtt agtgaccatt ctgaacagct tgtattgtgt 540
gaagattact aattttcaac acccagtgtt tctcctgttg aaacggacta tctctatgaa 600
gaccaccagc ctgctgttgg cctgtcttct gatttcagcc ctcaccactc tcctatatta 660
tatgctctca cagatatcac gttttcctga acacataatt gggagaaatg acacgtcatt 720
tgacctcagt gatggtatct tgacgttagt agcctctttg gtccctgaact cacttctaca 780
gtttatgctc aatgtgactt ttgcttcctt gtttaatacat tccttgagaa gacatatata 840
gaagatgcag agaaacagga ccagcttttg gaatccccag acggaggctc acatgggtgc 900
tatgaggctg atgatctggt tctcgtgct ctacattcca tattcaattg ctaccctgct 960
ctatcttctt tcctatatga ggaagaatct gagagcccag gccatttgca tgattattac 1020

```

```

tgctgcttac cctccaggac attctgtcct cctcattatc acacatcata aactgaaagc 1080
taaagcaaag aagattttct gtttctacaa gtagcagaat ttcattagta gttaacagca 1140
tcaattcatg gtttggttgc attagaaatg tctcagtgat ctaaggactt aattttgtga 1200
tcttgatctt ggcacacctga ccctgagact aagtgcctat attttggtca atacagcatc 1260
ttttggctaa tatttttaaag taaatcacat tccataagaa attgtttaag ggattttacgt 1320
atttttcatg gctatcacat tcctagacaa tggaaatcac catactgttt cgctagctac 1380
tgaagtacca ggggaaagtc catgaatgaa ggccacattg tgatgttctt ggtagcaca 1440
gattagagaa tttggcctca actgagcaag atatc                                1475

```

<210> 121

<211> 316

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R09, mGR09

<400> 121

```

Met Glu His Leu Leu Lys Arg Thr Phe Asp Ile Thr Glu Asn Ile Leu
 1             5             10            15
Leu Ile Ile Leu Phe Ile Glu Leu Ile Ile Gly Leu Ile Gly Asn Gly
      20             25            30
Phe Thr Ala Leu Val His Cys Met Asp Trp Val Lys Arg Lys Lys Met
      35             40            45
Ser Leu Val Asn Lys Ile Leu Thr Ala Leu Ala Thr Ser Arg Ile Phe
      50             55            60
Leu Leu Trp Phe Met Leu Val Gly Phe Pro Ile Ser Ser Leu Tyr Pro
      65             70            75            80
Tyr Leu Val Thr Thr Arg Leu Met Ile Gln Phe Thr Ser Thr Leu Trp
      85             90            95
Thr Ile Ala Asn His Ile Ser Val Trp Phe Ala Thr Cys Leu Ser Val
      100            105            110
Phe Tyr Phe Leu Lys Ile Ala Asn Phe Ser Asn Ser Pro Phe Leu Tyr
      115            120            125
Leu Lys Arg Arg Val Glu Lys Val Val Ser Val Thr Leu Leu Val Ser
      130            135            140
Leu Val Leu Leu Phe Leu Asn Ile Leu Leu Leu Asn Leu Glu Ile Asn
      145            150            155            160
Met Cys Ile Asn Glu Tyr His Gln Ile Asn Ile Ser Tyr Ile Phe Ile
      165            170            175
Ser Tyr Tyr His Leu Ser Cys Gln Ile Gln Val Leu Gly Ser His Ile
      180            185            190
Ile Phe Leu Ser Val Pro Val Val Leu Ser Leu Ser Thr Phe Leu Leu

```

195	200	205
Leu Ile Phe Ser Leu Trp Thr	Leu His Lys Arg Met Gln Gln His Val	
210	215	220
Gln Gly Gly Arg Asp Ala Arg Thr Thr	Ala His Phe Lys Ala Leu Gln	
225	230	235
Ala Val Ile Ala Phe Leu Leu Leu Tyr Ser	Ile Phe Ile Leu Ser Leu	
245	250	255
Leu Leu Gln Phe Trp Ile His Gly Leu Arg	Lys Lys Pro Pro Phe Ile	
260	265	270
Ala Phe Cys Gln Val Val Asp Thr Ala Phe	Pro Ser Phe His Ser Tyr	
275	280	285
Val Leu Ile Leu Arg Asp Arg Lys Leu Arg	His Ala Ser Leu Ser Val	
290	295	300
Leu Ser Trp Leu Lys Cys Arg Pro Asn Tyr	Val Lys	
305	310	315

<210> 122

<211> 1339

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R09, mGR09

<400> 122

```

gaattcagaa atcatcaaaa aatcttcaaa actacatggt taaaatagca cttcaaatga 60
atacatttgc aaatctttac aactaataca taaaatggag catcttttga agagaacatt 120
tgatatcacc gagaacatac ttctaattat ttatttcatt gaattaataa ttggacttat 180
aggaaacgga ttcacagcct tgggtgcactg catggactgg gttaagagaa aaaaaatgtc 240
attagttaat aaaatcctca ccgctttggc aacttctaga attttcctgc tctggttcat 300
gctagtaggt ttccaatta gctcactgta cccatattta gttactacta gactgatgat 360
acagttcact agtactctat ggactatagc taaccatatt agtgtctggt ttgtacatg 420
cctcagtgtc tttatatttc tcaagatagc caatttttct aattctcctt ttctctatct 480
aaagaggaga gttgaaaaag tagtttcagt tacattactg gtgtctctgg tcctcttggt 540
tttaaataat ttactactta atttggaat taacatgtgt ataatgaat atcatcaaat 600
aaacatatca tacatcttca tttcttatta ccatttaagt tgtcaaattc aggtgttagg 660
aagtcacatt attttctgt ctgtccccgt tgtttgtcc ctgtcaactt ttctcctgct 720
catcttctcc ctgtggacac ttcacaagag gatgcagcag catgttcagg gaggcagaga 780
tgccagaacc acggccact tcaaagcctt gcaagcagt attgccttcc tcctactata 840
ctccattttt atcctgtcac tggtactaca attttgatc catggattaa ggaagaaacc 900
tcctttcatt gcattttgtc aggtttaga tacagctttt ctttcattcc attcatatgt 960
cttgattctg agagacagga agctgagaca cgctctctc tctgtgtgt cggtggctgaa 1020
atgcaggcca aattatgtga aataatattt ctttgtattt tcattttcaa ttttaaaata 1080
ttcttagaat ttgactgcat gtatttcac ttttatttga aacaaccact aattaaagct 1140

```

```

attactaatt tagcaagtcg tatacaaggt tattttttaa tacacatatc aaaaactgac 1200
atgtttatgt tctacaaaaa cctgaatata tcaaaattat ataaattttg tatcaacgat 1260
taacaatgga gtttttttat ttatgacctg tcacgggact ccggtggagt cagcttgatca 1320
gatgaaagtc tgaaagctt                                     1339

```

<210> 123

<211> 333

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R10, mGR10

<400> 123

```

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

```

225	230	235	240
Arg Asp Ala Ser Thr Met Ala His Ile Lys Ala Leu Gln Thr Gly Phe			
	245	250	255
Ser Phe Leu Leu Leu Tyr Ala Val Tyr Leu Leu Phe Ile Val Ile Gly			
	260	265	270
Met Leu Ser Leu Arg Leu Ile Gly Gly Lys Leu Ile Leu Leu Phe Asp			
	275	280	285
His Ile Ser Gly Ile Gly Phe Pro Ile Ser His Ser Phe Val Leu Ile			
	290	295	300
Leu Gly Asn Asn Lys Leu Arg Gln Ala Ser Leu Ser Val Leu His Cys			
305	310	315	320
Leu Arg Cys Arg Ser Lys Asp Met Asp Thr Met Gly Pro			
	325	330	

<210> 124

<211> 1371

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R10, mGR10

<400> 124

Gly Ala Ala Thr Thr Cys Ala Ala Cys Ala Thr Cys Thr Thr Ala Thr			
1	5	10	15
Thr Cys Ala Ala Cys Thr Thr Cys Ala Gly Ala Ala Ala Ala Cys Thr			
	20	25	30
Gly Gly Ala Thr Ala Thr Thr Ala Gly Ala Cys Ala Cys Ala Gly Thr			
	35	40	45
Gly Thr Cys Thr Gly Gly Ala Thr Gly Ala Ala Gly Cys Ala Gly Ala			
	50	55	60
Gly Gly Thr Gly Ala Thr Cys Thr Cys Thr Thr Thr Gly Gly Gly Ala			
	65	70	75
Ala Ala Ala Ala Ala Ala Gly Cys Cys Ala Ala Gly Thr Ala Gly Thr			
	85	90	95
Cys Ala Thr Ala Ala Ala Gly Ala Ala Thr Thr Thr Ala Thr Gly Ala			
	100	105	110
Ala Ala Cys Ala Ala Thr Thr Cys Cys Thr Gly Gly Gly Ala Thr Thr			
	115	120	125
Gly Thr Thr Thr Ala Thr Ala Thr Thr Thr Gly Thr Thr Ala Cys Ala			
	130	135	140
Ala Ala Cys Ala Ala Ala Thr Thr Thr Ala Thr Ala Thr Gly Thr Thr			
	145	150	155
Thr Gly Thr Thr Ala Gly Thr Cys Ala Gly Thr Ala Ala Thr Gly Thr			

	165		170		175
Ala Thr Ala	Ala Gly Thr Gly Gly Gly Ala Thr Thr Thr Thr Ala Ala				
	180		185		190
Ala Gly Cys	Ala Thr Gly Ala Thr Thr Ala Thr Cys Thr Thr Gly Ala				
	195		200		205
Ala Thr Thr Thr Thr Thr	Ala Ala Cys Ala Ala Ala Ala Ala Cys				
	210		215		220
Ala Thr Gly Thr Ala Gly Thr Gly Cys Thr Thr Thr Thr Thr Ala Ala					
225	230		235		240
Ala Thr Gly Thr Ala Gly Cys Ala Gly Ala Ala Ala Cys Ala Thr Thr					
	245		250		255
Ala Ala Ala Ala Ala Thr Thr Gly Ala Ala Gly Cys Ala Thr Gly Thr					
	260		265		270
Thr Cys Thr Cys Ala Cys Ala Gly Ala Thr Ala Ala Thr Ala Ala Gly					
	275		280		285
Cys Ala Cys Cys Ala Gly Thr Gly Ala Thr Ala Thr Thr Thr Thr Thr					
	290		295		300
Ala Cys Thr Thr Thr Thr Ala Cys Ala Ala Thr Ala Ala Thr Ala Thr					
305	310		315		320
Thr Ala Thr Thr Thr Gly Thr Gly Gly Ala Ala Thr Thr Ala Gly Thr					
	325		330		335
Ala Ala Thr Ala Gly Gly Ala Ala Thr Thr Thr Thr Ala Gly Gly Ala					
	340		345		350
Ala Ala Thr Gly Gly Ala Thr Thr Cys Ala Thr Ala Gly Cys Ala Cys					
	355		360		365
Thr Ala Gly Thr Gly Ala Ala Thr Ala Thr Cys Ala Thr Gly Gly Ala					
	370		375		380
Cys Thr Gly Gly Ala Cys Cys Ala Ala Gly Ala Gly Ala Ala Gly Ala					
385	390		395		400
Ala Gly Cys Ala Thr Thr Thr Cys Ala Thr Cys Ala Gly Cys Gly Gly					
	405		410		415
Ala Thr Cys Ala Gly Ala Thr Thr Cys Thr Cys Ala Cys Thr Gly Cys					
	420		425		430
Thr Thr Thr Gly Gly Cys Cys Ala Thr Thr Ala Cys Cys Ala Gly Ala					
	435		440		445
Thr Thr Thr Cys Thr Cys Thr Ala Thr Gly Thr Gly Thr Gly Gly Thr					
	450		455		460
Thr Thr Ala Thr Gly Ala Thr Cys Ala Thr Thr Thr Gly Thr Ala Thr					
465	470		475		480
Ala Thr Thr Gly Thr Thr Ala Thr Thr Cys Ala Thr Gly Cys Thr Gly					
	485		490		495
Thr Gly Cys Cys Cys Ala Cys Ala Thr Thr Thr Gly Cys Thr Thr Ala					
	500		505		510
Cys Ala Ala Gly Ala Thr Cys Ala Gly Ala Ala Ala Thr Ala Gly Thr					

515	520	525
Ala Ala Cys Ala Thr Cys	Ala Ala Thr Thr Gly	Gly Thr Ala Thr Thr
530	535	540
Ala Thr Thr Thr Gly Gly	Ala Thr Ala Gly Thr	Gly Ala Ala Thr Ala
545	550	555
Ala Cys Cys Ala Thr Thr	Thr Cys Ala Gly Cys	Gly Thr Thr Thr Gly
565	570	575
Gly Cys Thr Thr Gly Cys	Cys Ala Cys Ala Thr	Gly Cys Cys Thr Cys
580	585	590
Gly Gly Thr Gly Thr Cys	Thr Thr Thr Ala Thr	Thr Thr Thr Thr Cys
595	600	605
Thr Gly Ala Ala Gly Ala	Thr Ala Gly Cys Cys	Ala Ala Thr Thr Thr
610	615	620
Thr Thr Cys Thr Ala Ala	Cys Thr Cys Thr Thr	Thr Gly Thr Thr Thr
625	630	635
Cys Thr Thr Thr Ala Cys	Cys Thr Ala Ala Ala	Gly Thr Gly Gly Ala
645	650	655
Gly Ala Gly Thr Thr Ala	Ala Ala Ala Ala Gly	Thr Ala Gly Thr
660	665	670
Thr Thr Thr Ala Ala Thr	Gly Ala Thr Ala Ala	Thr Ala Cys Ala Gly
675	680	685
Gly Thr Ala Thr Cys Ala	Ala Thr Gly Ala Thr	Thr Thr Thr Cys Thr
690	695	700
Thr Gly Ala Thr Thr Thr	Thr Ala Ala Ala Cys	Cys Thr Gly Thr Thr
705	710	715
Ala Thr Cys Thr Cys Thr	Ala Ala Gly Cys Ala	Thr Gly Thr Ala Thr
725	730	735
Gly Ala Thr Cys Ala Gly	Thr Thr Cys Thr Cys	Ala Ala Thr Thr Gly
740	745	750
Ala Thr Gly Thr Thr Thr	Ala Thr Gly Ala Ala	Gly Gly Ala Ala Ala
755	760	765
Thr Ala Cys Ala Thr Cys	Thr Thr Ala Thr Ala	Ala Thr Thr Thr Ala
770	775	780
Gly Gly Gly Gly Ala Thr	Thr Cys Ala Ala Cys	Cys Cys Cys Ala Thr
785	790	795
Thr Thr Cys Cys Cys Ala	Cys Ala Ala Thr Thr	Thr Cys Cys Thr Thr
805	810	815
Ala Thr Thr Cys Ala Thr	Cys Ala Ala Thr Thr	Cys Ala Thr Cys Ala
820	825	830
Ala Ala Ala Gly Thr Thr	Thr Thr Cys Gly Thr	Ala Ala Thr Cys Ala
835	840	845
Cys Cys Ala Ala Cys Thr	Cys Ala Thr Cys Cys	Cys Ala Thr Ala Thr
850	855	860
Thr Thr Thr Cys Thr Thr	Ala Cys Cys Cys Ala	Thr Cys Ala Ala Cys

865	870	875	880
Thr Cys Cys Cys Thr Gly Thr Thr Cys Ala Thr Gly Cys Thr Cys Ala			
	885	890	895
Thr Ala Cys Cys Cys Thr Thr Cys Ala Cys Ala Gly Thr Gly Thr Cys			
	900	905	910
Cys Cys Thr Gly Gly Thr Ala Gly Cys Cys Thr Thr Thr Cys Thr Cys			
	915	920	925
Ala Thr Gly Cys Thr Cys Ala Thr Cys Thr Thr Cys Thr Cys Ala Cys			
	930	935	940
Thr Gly Thr Gly Gly Ala Ala Gly Cys Ala Thr Cys Ala Cys Ala Ala			
945	950	955	960
Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Cys Ala Gly Gly Thr Cys Ala Ala Thr			
	965	970	975
Gly Cys Cys Ala Ala Ala Cys Cys Ala Cys Cys Thr Ala Gly Ala Gly			
	980	985	990
Ala Thr Gly Cys Cys Ala Gly Cys Ala Cys Cys Ala Thr Gly Gly Cys			
	995	1000	1005
Cys Cys Ala Cys Ala Thr Thr Ala Ala Ala Gly Cys Cys Thr Thr Gly			
	1010	1015	1020
Cys Ala Ala Ala Cys Ala Gly Gly Gly Thr Thr Cys Thr Cys Cys Thr			
1025	1030	1035	1040
Thr Cys Cys Thr Gly Cys Thr Gly Cys Thr Gly Thr Ala Thr Gly Cys			
	1045	1050	1055
Ala Gly Thr Ala Thr Ala Cys Thr Thr Ala Cys Thr Thr Thr Thr Thr			
	1060	1065	1070
Ala Thr Thr Gly Thr Cys Ala Thr Ala Gly Gly Ala Ala Thr Gly Thr			
	1075	1080	1085
Thr Gly Ala Gly Cys Cys Thr Thr Ala Gly Gly Thr Thr Gly Ala Thr			
	1090	1095	1100
Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Ala Ala Ala Thr Thr Ala Ala Thr Ala			
1105	1110	1115	1120
Cys Thr Thr Thr Thr Ala Thr Thr Thr Gly Ala Cys Cys Ala Cys Ala			
	1125	1130	1135
Thr Thr Thr Cys Thr Gly Gly Ala Ala Thr Ala Gly Gly Thr Thr Thr			
	1140	1145	1150
Thr Cys Cys Thr Ala Thr Ala Ala Gly Cys Cys Ala Cys Thr Cys Ala			
	1155	1160	1165
Thr Thr Thr Gly Thr Gly Cys Thr Gly Ala Thr Thr Cys Thr Gly Gly			
	1170	1175	1180
Gly Ala Ala Ala Thr Ala Ala Cys Ala Ala Gly Cys Thr Gly Ala Gly			
1185	1190	1195	1200
Ala Cys Ala Ala Gly Cys Cys Ala Gly Thr Cys Thr Thr Thr Cys Ala			
	1205	1210	1215
Gly Thr Gly Thr Thr Gly Cys Ala Thr Thr Gly Thr Cys Thr Gly Ala			

1220	1225	1230
Gly Gly Thr Gly Cys Cys Gly Ala Thr Cys Cys Ala Ala Ala Gly Ala		
1235	1240	1245
Thr Ala Thr Gly Gly Ala Cys Ala Cys Cys Ala Thr Gly Gly Gly Thr		
1250	1255	1260
Cys Cys Ala Thr Ala Ala Ala Ala Ala Thr Thr Thr Cys Ala Gly		
1265	1270	1275
Ala Gly Gly Thr Cys Ala Thr Thr Gly Gly Gly Ala Ala Ala Cys Ala		
1285	1290	1295
Thr Thr Thr Thr Gly Ala Gly Ala Thr Cys Thr Thr Ala Thr Ala Gly		
1300	1305	1310
Gly Gly Gly Ala Ala Ala Ala Ala Gly Ala Ala Ala Ala Thr Gly Thr		
1315	1320	1325
Gly Gly Gly Gly Cys Thr Thr Cys Ala Ala Ala Gly Cys Thr Gly Gly		
1330	1335	1340
Thr Ala Gly Gly Ala Gly Thr Ala Ala Thr Ala Thr Ala Gly Ala Gly		
1345	1350	1355
Ala Ala Gly Gly Ala Thr Ala Gly Gly Ala Gly		1360
1365	1370	

<210> 125

<211> 303

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R11, mGR11

<220>

<221> MOD_RES

<222> (169)

<223> Xaa = 任何氨基酸

<400> 125

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

```

Asp Leu Ala Ser Thr Arg Thr Met Met Gln Phe Ala Ser Asn Pro Trp
      85              90              95
Thr Ile Ser Asn His Ile Ser Ile Trp Leu Ala Thr Cys Leu Gly Val
      100             105             110
Phe Tyr Phe Leu Lys Ile Ala Asn Phe Ser Asn Ser Thr Phe Leu Tyr
      115             120             125
Leu Lys Trp Arg Val Gln Phe Leu Leu Leu Asn Ile Leu Leu Val Lys
      130             135             140
Phe Glu Ile Asn Met Trp Ile Asn Glu Tyr His Gln Ile Asn Ile Pro
      145             150             155             160
Tyr Ser Phe Ile Ser Tyr Tyr Gln Xaa Cys Gln Ile Gln Val Leu Ser
      165             170             175
Leu His Ile Ile Phe Leu Ser Val Pro Phe Ile Leu Ser Leu Ser Thr
      180             185             190
Phe Leu Leu Leu Ile Phe Ser Leu Trp Thr Leu His Gln Arg Met Gln
      195             200             205
Gln His Val Gln Gly Tyr Arg Asp Ala Ser Thr Met Ala His Phe Lys
      210             215             220
Ala Leu Gln Ala Val Ile Ala Phe Leu Leu Ile His Ser Ile Phe Ile
      225             230             235             240
Leu Ser Leu Leu Leu Gln Leu Trp Lys His Glu Leu Arg Lys Lys Pro
      245             250             255
Pro Phe Val Val Phe Cys Gln Val Ala Tyr Ile Ala Phe Pro Ser Ser
      260             265             270
His Ser Tyr Val Phe Ile Leu Gly Asp Arg Lys Leu Arg Gln Ala Cys
      275             280             285
Leu Ser Val Leu Trp Arg Leu Lys Cys Arg Pro Asn Tyr Val Gly
      290             295             300

```

<210> 126

<211> 1108

<212> DNA

<213> 小鼠 (Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R11, mGR11

<400> 126

```

aataatgtat gtggaagagt taagtataaa tgttgatga gaatgaactc agaaatcatc 60
aaaaatcttt aaaactgcat gttaaaaatc acacttcaaa tgaatatatt tgtaattctt 120
tagaactaat aaataaaatg gagcatcctt tgaggagaac atttgatttc tcccagagca 180
tacttctaac cattttattc attgaattaa taattggact tataagaaat ggattaatgg 240
tattggtgca ctgcatagat tgggttaaga gaaaaaaatt tcatttgta atcaaactcct 300
caccactttg gcaaacttcc agaatttgct tgctctgggt catgctaata catctcctga 360

```

```

ttactttatt gtatgcagat ttagctagta ctagaacgat gatgcaattc gctagcaatc 420
catggactat atctaaccat atcagcatct ggcttgctac atgccttggg gtcttttatt 480
ttctcaagat agccaatttt tctaactcta cttttctcta tctaaaatgg cgagttcagt 540
tcctcttggt aaatatttta ctgggttaaat ttgagattaa catgtggata aatgaatata 600
atcaaataaa cataccatac agcttcattt cttattacca aattgtcaaa tacagggtgtt 660
aagtcttcac attattttcc tgtctgtccc cttattttg tccctgtcaa cttttctcct 720
gctcatcttc tccctgtgga cacttcacca gaggatgcag cagcatgttc aaggatacag 780
agatgccagc acaatggccc acttcaaagc cttgcaagca gtgattgcct ttctcttaat 840
acactccatt tttatcctgt cactgttact acaactttgg aaacatgaat taaggaagaa 900
acctcctttt gtgtattttt gtcagggtgc atatatactg tttccttcac cccattcata 960
tgtcttcatt ctgggagaca gaaagctgag acaggcttgt ctctctgtgt tgtggagget 1020
gaaatgcagg ccaaattatg tgggataaaa tctctttgtg ctttcatttc caattcttaa 1080
atattctttg attttgactg cataaatt 1108

```

<210> 127

<211> 150

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R12, mGR12

<400> 127

```

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

```

<210> 128

<211> 520

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R12, mGR12

<400> 128

```

ttttcagcag tgactttggg aagcagaacg tcctcttaga gacagtgggt gctgctatcc 60
tagttaatgt ggagcaatag ttaatgtgga tttcctaatt ggaaatgttg ggaatggatt 120
cattgttgtg gcaaacataa tggacttggt caagagaaga aagctttctt cagtggatca 180
gctgctcact gcactggccg tctccagaat cactttgctg tggtaacctgt acataatgaa 240
acgaacattt ttagtggatc caaacattgg tgcaattatg caatcaacaa gactgactaa 300
tggttatctg ataatttcta accatttttag tatatggctg gccaccaccc tcagcatctt 360
ttattttctc aagatagcaa atttttctaa ctctattttc tgttacctga ggtggagatt 420
tgaaaaggtg attttgatgg cattgctggt gtccctggtc ctcttgttta tagatatttt 480
agtaacaaac atgtacatta atatttgac tgatgaattc                    520

```

<210> 129

<211> 309

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R13, mGR13

<400> 129

```

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

```

Asn Phe Ser Asn Ile Ile Phe Leu Tyr Leu Lys Phe Arg Ser Lys Asn
 115 120 125
 Val Val Leu Val Thr Leu Leu Val Ser Leu Phe Phe Leu Phe Leu Asn
 130 135 140
 Thr Val Ile Ile Lys Ile Phe Ser Asp Val Cys Phe Asp Ser Val Gln
 145 150 155 160
 Arg Asn Val Ser Gln Ile Phe Ile Met Tyr Asn His Glu Gln Ile Cys
 165 170 175
 Lys Phe Leu Ser Phe Thr Asn Pro Met Phe Thr Phe Ile Pro Phe Val
 180 185 190
 Met Ser Thr Val Met Phe Ser Leu Leu Ile Phe Ser Leu Trp Arg His
 195 200 205
 Leu Lys Asn Met Gln His Thr Ala Lys Gly Cys Arg Asp Ile Ser Thr
 210 215 220
 Thr Val His Ile Arg Ala Leu Gln Thr Ile Ile Val Ser Val Val Leu
 225 230 235 240
 Tyr Thr Ile Phe Phe Leu Ser Phe Phe Val Lys Val Trp Ser Phe Val
 245 250 255
 Ser Pro Glu Arg Tyr Leu Ile Phe Leu Phe Val Trp Ala Leu Gly Asn
 260 265 270
 Ala Val Phe Ser Ala His Pro Phe Val Met Ile Leu Val Asn Arg Arg
 275 280 285
 Leu Arg Leu Ala Ser Leu Ser Leu Ile Phe Trp Leu Trp Tyr Arg Phe
 290 295 300
 Lys Asn Ile Glu Val
 305

<210> 130

<211> 1199

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R13, mGR13

<400> 130

aagcttggtt gtgtttggat gaattctatt tatgtctatc aatttaagat tttcatatga 60
 atcattaaga aatcttgata gttgtttgtg agatatcact tctgcaattt ttaaataaaa 120
 ttacactcat attttgaagg aacaatatgt ttttaaaggaa tatattaaca aatcttcagc 180
 agttaccta gaagtttggg tattgtttta cagaaaatgg tggcagttct acagagcaca 240
 cttccaataa ttttcagtat ggaattcata atgggaacct taggaaatgg attcattttt 300
 ctgatagtct gcatagactg ggtccaaaga agaaaaatct ctttagtgga tcaaataccg 360
 actgctctgg caattagcag aatcgctcta atttggttga tattcctaga ttggtgggtg 420

tctgttcatt acccagcatt acatgaaact ggtaagatgt tatcaacata ttgatttcc 480
 tggacggtga tcaatcattg taacttttgg cttactgcaa acttgagcat cctttatattt 540
 ctcaagatag ccaacttttc taacattatt tttctttatc taaagtttag atctaaaaat 600
 gtggtattag tgaccctgtt agtgtctcta tttttcttgt tcttaaatac tgtaattata 660
 aaaatatttt ctgatgtgtg ttttgatagt gttcaaagaa atgtgtctca aattttcata 720
 atgtataacc atgaacaaat ttgtaaattt ctttccttta ctaaccctat gttcacattc 780
 ataccttttg ttatgtccac ggtaatgttt tctttgctca tcttctccct gtggagacat 840
 ctgaagaata tgcagcacac cgccaaagga tgcagagaca tcagcaccac agtgcacatc 900
 agagccctgc aaaccatcat tgtgtctgta gtgctataca ctatTTTTTT tctatcattt 960
 tttgttaaag tttggagttt tgtgtcacca gagagatacc tgatcttttt gtttgtctgg 1020
 gctctgggaa atgctgtttt ttctgtcac ccatttgtca tgattttggt aaacagaaga 1080
 ttgagattgg cttctctctc tctgattttt tggctctggt acaggtttaa aaatatagaa 1140
 gtatagggtc caagaccac caaggaatca ttttccttat cctaaagaaa aatcaggag 1199

<210> 131

<211> 309

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R14, mGR14

<400> 131

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

Asn Thr Ser Trp Gln Ile His Met Lys Lys Ser Glu Leu Ile Ile Asn
 165 170 175
 Tyr Val Phe Thr Asn Gly Gly Val Phe Leu Phe Phe Met Ile Met Leu
 180 185 190
 Ile Val Cys Phe Leu Leu Ile Ile Ser Leu Trp Arg His Arg Arg Gln
 195 200 205
 Met Glu Ser Asn Lys Leu Gly Phe Arg Asp Leu Asn Thr Glu Val His
 210 215 220
 Val Arg Thr Ile Lys Val Leu Leu Ser Phe Ile Ile Leu Phe Ile Leu
 225 230 235 240
 His Phe Met Gly Ile Thr Ile Asn Val Ile Cys Leu Leu Ile Pro Glu
 245 250 255
 Ser Asn Leu Leu Phe Met Phe Gly Leu Thr Thr Ala Phe Ile Tyr Pro
 260 265 270
 Gly Cys His Ser Leu Ile Leu Ile Leu Ala Asn Ser Arg Leu Lys Gln
 275 280 285
 Cys Ser Val Met Ile Leu Gln Leu Leu Lys Cys Cys Glu Asn Gly Lys
 290 295 300
 Glu Leu Arg Asp Thr
 305

<210> 132

<211> 1535

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R14, mGR14

<400> 132

ctgcaggtat atacctaccc tgaaggcttc atctagagta aacaaagtag tctgtatagt 60
 ctgccattcc tcagattctc ctcaacttcc caccctccag tgacctttct ccttttctac 120
 agtcaaacta tggacctcac aacctgacac ttcttcagat gcaaaatatt ctcacagaga 180
 caagtaaaac atacaaaaca aatacttta tttgcctatt aacaaatggc aagaaaagat 240
 tcaggcttga acatcctgta gacaagctaa ggacaggagc aactgaaggg atctccatga 300
 agacctttca gattttctacc aaaagtaatt tttaactata ttttaagtctt taaagaaaga 360
 aagtaaagcc actcttttat tgaacagcaa tagattggaa tcttaaacaa ctgcaacaga 420
 agccatttta aagatcaaca aagatgctga gcacaatgga aggtgtcctc ctttcagttt 480
 caactagtga ggctgtgctg ggcatgttag ggaacacatt cattgcactt gtaaactgta 540
 tggactataa caggaacaag aagctctcta atattggctt tattctcact ggcttggcaa 600
 tttccagaat ttgccttgtg ttgatcttaa tcacagaggc atacataaaa atattctatc 660
 cacagttgct gtctctgtc aacataattg agtcatcag ttatctatgg ataattatct 720
 gtcaattgaa tgtctggttt gccactagtc tcagtatttt ttatttcctg aagatagcaa 780
 atttttccca ctacatattt gtctggttaa aaagaagaat tgatttagtt tttttcttcc 840

```

tgataggggtg cttgcttata tcatggctat tttctttccc agttgttgcg aagatggtta 900
aagataataa aatgctgtat ataaacacat cttggcagat ccacatgaag aaaagtgagt 960
taatcattaa ctatgttttc accaatgggg gagtatTTTT atTTTTatg ataatgttaa 1020
ttgtatgttt cctgttaate atttcacttt ggagacatcg caggcagatg gaatcaaata 1080
aattaggatt cagagatctc aacacagaag ttcattgtgag aacaataaaa gttttattgt 1140
cttttattat cttttttata ttgcatttca tgggtattac cataaatgta atttgtctgt 1200
taatcccaga aagcaacttg ttattcatgt ttggtttgac aactgcattc atctatcccc 1260
gctgccactc acttatacta attctagcaa acagtcggct gaagcagtgc tctgtaatga 1320
tactgcaact attaaagtgc tgtgagaatg gtaaagaact cagagacaca tgacagtctg 1380
gaacacatgc aatctggaat tgtcagtgga aaaagttact gaagatcttt tcacttgcac 1440
tatgtctttt tattgatttg gcatcattat caaacactgt tggagccttg tgaactcttg 1500
ttcagagtct tctgcctctc aaggaatcac actcc 1535

```

<210> 133

<211> 310

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R15, mGR15

<400> 133

```

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

```

	165		170		175
Leu Ile Leu Ile Pro Ser Leu Met Phe Thr Leu Val Pro Phe Gly Val					
	180		185		190
Ser Leu Ile Ala Phe Leu Leu Leu Ile Phe Ser Leu Met Lys His Val					
	195		200		205
Arg Lys Met Gln Tyr Tyr Thr Lys Gly Cys Lys Asp Val Arg Thr Met					
	210		215		220
Ala His Thr Thr Ala Leu Gln Thr Val Val Ala Phe Leu Leu Leu Tyr					
225		230		235	240
Thr Thr Phe Phe Leu Ser Leu Val Val Glu Val Ser Thr Leu Glu Met					
	245		250		255
Asp Glu Ser Leu Met Leu Leu Phe Ala Lys Val Thr Ile Met Ile Phe					
	260		265		270
Pro Ser Ile His Ser Cys Ile Phe Ile Leu Lys His Asn Lys Leu Arg					
	275		280		285
Gln Asp Leu Leu Ser Val Leu Lys Trp Leu Gln Tyr Trp Cys Lys Arg					
	290		295		300
Glu Lys Thr Leu Asp Ser					
305		310			

<210> 134

<211> 1482

<212> DNA

<213> 小鼠 (Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R15, mGR15

<400> 134

```

aataatagat tttttaatat tcagaatttt taagtaatgt agtattgtta gcagcatagc 60
ttataggaaa agttccaagt aattttgatt ttgtaattct gattccccca aatcaagtat 120
caagtttacc tgcacagaca agggaagaag tggcaaaatg tgcaaagag agcaacttta 180
tttgactgtc agtacgttga aattcagtgt ttccttaatc agttatggat tgacatttat 240
gtgcacagaa cctggaagaa tttcagccaa gctggaggta aaaatccaaa attctgatga 300
taaaacaaaa agtaaatac aggtaaatct tctttatttt tcttttttaa tactgtatat 360
ggacattttt taatacagca tatttttttt ttgaaattta gaaaaaacc actaagaaat 420
attcaccaat ggaatagact ttaaagtcac ttagagaatg tgtgctgttc tacgtagcat 480
actgacaatc attttcatit tggagttcct cattggaaat ctggggaatg gattcatagc 540
tctggtacaa tgcattgact tacgaaagag aagaacgttc ccttcagcag atcatttcct 600
cactgctctg gccatctcca ggcttgctct gatatgggtt ttatttctag attcatttct 660
gtttatacaa tccccattac tgatgactag aaatacatta agactgattc agactgcctg 720
gaatataagc aatcatttca gtatatggtt tgctaccagc ctcagcatct tttatctctt 780
caagatagcc attttttcta actatctttt cttctacctg aagcggagag ttaaaagggt 840
ggttttggtg atactgctgc tatccatgat ccttttggtt ttaatatat ttttagaaat 900

```

```

caaacatatt gatgtctgga tctatggaac caaaagaaac ataactaatg gtttgagttc 960
aaacagtttt tcagagtttt ccaggcttat tttaattcca agtttaatgt tcacattagt 1020
accctttggt gtatccttga tagctttcct cctcctaatac ttttccctta tgaaacatgt 1080
aaggaagatg cagtactaca ccaaaggatg caaagatgtc agaaccatgg cccacaccac 1140
agccctgcag actgtggttg cttcctcctc attatatact actttctttc tgtctctagt 1200
tgtggaagtt tcaacacttg aaatggatga aagtctgatg cttctgtttg caaaagttag 1260
tataatgatt tttccttcca tccactcctg tattttcatt ttgaaacata ataagttgag 1320
acaggacttg ctttcagtac tgaagtggct acagtattgg tgcaagcgtg agaaaacctt 1380
ggattcatag accattgtat gcatcacctt gaatattcta gaggggtgta ggttcatatg 1440
aaagtattga atttttaaat ttgagccttt tgtatatttt ct 1482

```

<210> 135

<211> 305

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R16, mGR16

<400> 135

```

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

```

180	185	190
Ser Leu Val Thr Phe Val Leu Leu Val Phe Ser Leu Trp Lys His Gln		
195	200	205
Arg Lys Met Gln His Ser Ala His Gly Cys Arg Asp Ala Ser Thr Lys		
210	215	220
Ala His Ile Arg Ala Leu Gln Thr Leu Ile Ala Ser Leu Leu Leu Tyr		
225	230	235
Ser Ile Phe Phe Leu Ser His Val Met Lys Val Trp Ser Ala Leu Leu		
245	250	255
Leu Glu Arg Thr Leu Leu Leu Leu Ile Thr Gln Val Ala Arg Thr Ala		
260	265	270
Phe Pro Ser Val His Ser Trp Val Leu Ile Leu Gly Asn Ala Lys Met		
275	280	285
Arg Lys Ala Ser Leu Tyr Val Phe Leu Trp Leu Arg Cys Arg His Lys		
290	295	300
Glu		
305		

<210> 136

<211> 1316

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R16, mGR16

<400> 136

```

tttatgatgg aaagaataaa accattagca aggcctaatg gcttggttgg tattagacct 60
gtacattggt tatggaacat gatatggagc tttgtttatt gaatatgcac aatattttag 120
aagcatgttt caaagaatct taagtaatta caatagaaat tgaagcatcc aagtgaagat 180
gaatgggtgc ctacaggta catttatagt ctttttgagt gtggaattta taattggcat 240
ctttggcaat ggattcatag cgggtggtgaa cataaaggac ttggtcaagg gaaggaagat 300
ctcttcagtg gatcagatcc tcaactgctct ggccatctcc agaattgcac tgctgtggtt 360
aatattagta agttggtgga tttttgtgct ttaccaggga caatggatga ctgatagaag 420
agttagcata atgcacagta tatggacaac attcaaccag agtagtctct ggtttgctac 480
aagctcagc atcttttatt ttttcaagat agcaaatttt tccaacccta tttttcttta 540
tttaaaggtc agacttaaaa aagtcattgat agggacattg ataatgtctt tgattctctt 600
ttgtttaaat attatcatta tgaatgcacc tgagaacatt ttaatcactg aatataatgt 660
atctatgtct tacagcttga ttttgaataa cacacagctt tctatgctgt ttccatttgc 720
caacaccatg tttgggttca taccttttgc tgtgtcactg gtcacttttg tccttcttgt 780
tttctccctg tggaacatc agagaaagat gcaacacagt gcccatggat gcagagatgc 840
cagcactaag gcccatca gagccttgca gacattgatt gcctccctcc tctgtattc 900
cattttcttc ctgtctcatg ttatgaaggt ttggagtgtc ctgcttctgg agaggacact 960
cctgcttttg atcacacagg ttgcaagaac agcttttccg tcagtgcact cctgggtcct 1020

```

gattctgggc aatgctaaga tgagaaaggc ttctctctat gtattcctgt ggctgaggtg 1080
 caggcacaaa gaatgaaacc ctacagtgtg cagacctggg gtatatattat gtggatgac 1140
 ttacatatct tagaggaaaa tggattaaaa gaaattctca tatttataaa ttttaggtc 1200
 tgaattacat aaaaatgtat ataatatitt caaagtacaa gatagtagtt tataacttac 1260
 atgataaata ctgtctatgc atcttctagt cttttagtaa tatgtaaaaa catgtt 1316

<210> 137

<211> 330

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R17, mGR17

<400> 137

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

Gly Gly Arg Asp Ala Arg Thr Thr Ala His Phe Lys Ala Leu Gln Thr
 225 230 235 240
 Val Ile Ala Phe Phe Leu Leu Tyr Ser Ile Phe Ile Leu Ser Val Leu
 245 250 255
 Ile Gln Ile Trp Lys Tyr Glu Leu Leu Lys Lys Asn Leu Phe Val Val
 260 265 270
 Phe Cys Glu Val Val Tyr Ile Ala Phe Pro Thr Phe His Ser Tyr Ile
 275 280 285
 Leu Ile Val Gly Asp Met Lys Leu Arg Gln Ala Cys Leu Pro Leu Cys
 290 295 300
 Ile Ile Ala Ala Glu Ile Gln Thr Thr Leu Cys Arg Asn Phe Arg Ser
 305 310 315 320
 Leu Lys Tyr Phe Arg Leu Cys Cys Ile Phe
 325 330

<210> 138

<211> 1354

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R17, mGR17

<400> 138

gaattctggt ctggcacccc tgagctgtgt gagtagacac attatcatgg aaagagattc 60
 agaatctgtc actgtcaaaa ctgcatgttt gtcctctgt tagtgtgttg gggaaagtta 120
 agaaaaatac attttatgag aatcaactca gaggttgtca gaaattgtcg aaacagcatt 180
 ttaaaaattt acatctcaac tggatatatg agcaagtctt tataactgat atataaaatg 240
 aagcactttt ggaagatatt atctgttatc tcccagagca cactttcagt cattttaatc 300
 gtggaattag taattggaat tataggaaat gggttcatgg tcttggtcca ctgtatggac 360
 tgggttaaga aaaagaaaat gtccctagtt aatcaaattc ttactgcttt gtcaatctcc 420
 agaatttttc agctctgttt attgtttata agtttagtaa tcaacttttc atatacagat 480
 ttaactacaa gttcaaggat gatacaagtc atgtacaatg cttggatttt agccaacat 540
 ttcagcatct ggattgctac atgcctcact gtcctttatt ttctaaagat agccaatttt 600
 tctaactctt tttttcttta tctaaagtgg agagttgaaa aagtagtttc agttacactg 660
 ttggtgtcat tgcctcctt gattttaaat attttactaa ctaacttgga aaccgacatg 720
 tggacaaatg aatatcaaag aaacatatca tgcagcttca gttctcatta ctatgcaaag 780
 tgtcacaggc aggtgttaag gttcacatt attttctgt ctgtccccgt tgttttgtcc 840
 ctgtcaactt ttctctgct catcttctcc ctgtggacac atcacaagag gatgcagcag 900
 catgttcagg gaggcagaga tgccagaacc acggcccact tcaaagccct acaaactgtg 960
 attgcatttt tctactata ttccattttt attctgtctg tcttaataca aatttggaat 1020
 tatgaattac tgaagaaaaa tcttttcgtt gtattttgtg aggttgtata tatagctttt 1080
 ccgacattcc attcatatat tctgattgta ggagacatga agctgagaca ggctgcctg 1140
 cctctctgta ttatcgcagc tgaatttcag actacactat gtagaaattt tagatcacta 1200

aagtacttta gattatgttg tatattctag acaaaaatta actgatacaa atgtcttttg 1260
 tatttttcat tttaaatac ctttaatttt gactgcatga aattgatttc tgcttgcaat 1320
 tatcactgat taaaactatt aataatttaa ctag 1354

<210> 139

<211> 299

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R18, mGR18

<400> 139

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

```

Tyr Phe Leu Thr Ile Val Ile Ser Phe Ile Gly Thr Val Phe Asp Lys
      245              250              255
Lys Ser Trp Phe Trp Val Cys Glu Ala Val Ile Tyr Gly Leu Val Cys
      260              265              270
Ile His Phe Thr Ser Leu Met Met Ser Asn Pro Ala Leu Lys Lys Ala
      275              280              285
Leu Lys Leu Gln Phe Trp Ser Pro Glu Pro Ser
      290              295

```

<210> 140

<211> 2887

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R18, mGR18

<220>

<221> modified_base

<222> (1083)

<223> n = g, a, c 或 t

<400> 140

```

gcgtgcttca cagagcagta tactacaaag caaatgtcat tgctgccatt gtatatattct 60
ctaaagacat ttcacatttt atctccctgt cccatttgtg gcagagccca cacttcaatc 120
aatcaattcc ttaattataa gctattgttt cattatttca tttcctacgt ttttttgcat 180
ttttactaaa actccaaagc agacattttc taattataat cctacatgta gttagaattt 240
taaaaattat atactatttt ctttgacca ctgagttcag taggttttga aggtttatgc 300
ttaacaattg aacatttcat gttagattat tcctgccttc ctaatcttga ataattaaat 360
gtccatccag gcttagaatt cacagagtca acagctttca ccttgattct ctactatct 420
atcaatgact agaatctgtc tgctactttt gaaaccgcta attaaatagt tgggtgcttat 480
ttaaagggtg ccccatgcc aagagaaatg tatttcttct ctagatgcct tcgtccttta 540
caagttacat gctttactga tgggtgaattg gttttcttcc agttcatctg ggtaaagtga 600
cctaagaacc tagccatgga aggagaaaca gaagcaaata ttaacgatac aagaacaagt 660
tccagaacat tggaaagtac ttagtaaagg cattggaatt agcaaaagaa tagtagcgaa 720
gcaaaaaata cttcatctcc attgggaggt caagaaagac tatgcagtgt ttttgatgca 780
acttgctatc tctgagttag acgattcagc acacactttt gagattgaac ttcaacaggt 840
ggagccagca gacctgagct ttaggaatga tgggtggaatt tccaagcaaa gacttccggt 900
acctttttga tgccectaa caattcgggt gcaatgtc caccgccc aa ctgttgaaat 960
gcttgggaaa agggattctg agactggcat tagtatgtca tttgacagaa tggaacatt 1020
gcccagggca ttaatgcaca gtaaaggatt caccttttct aagtgtcaa attttaaatt 1080
tgnatatttt tagaagacat tattttaaaag aaaggtggag aggatatcca aacagcacct 1140
tgagcagata aagaggtgaa gaagaaaaaa caacatgcgt acatgatgga tttctcttta 1200
tgaaaatgat caaatgatct taggatcaag aatccacacc tgaatgagat ttgcttgtat 1260

```

```

ccctgtgtga atttgaccta acaagcaaag cacagacaaa tgctgtagat agggaaatgt 1320
ctatgtcaaa tgtgtgtaag gaggatttgc atccacaaag aagtgcctc ttatactgag 1380
agtgtcaaga acacatgtcc gtttcatatt cggaaagtgg tatagagctg ttgagtcttt 1440
ggctaggaag agacttcaga gtggaagcat ggtgccacg caagtcacca tcttctccat 1500
catcatgtat gtgcttgagt ccttagtaat aattgtgcaa agttgcacaa cggttgcagt 1560
gctattcaga gagtggatgc actttcaaag actgtcaccg gtggagacga ttctcatcag 1620
cctgggcac tcacatttct gtctacagtg gacatcaatg ctatacaact ttggtactta 1680
ttctaggcct gtctttttat tttggaaggt atcagtcgtc tgggagttca tgaacatttt 1740
gacattctgg ttaaccagtt ggcttgctgt cctctactgt gtcaaggtct cttccttcac 1800
tcaccccatc ttctctggc tgaggatgaa aatcttgaaa ctggttctct ggttgatact 1860
gggtgctctg atagcttctt gtttgtcaat catcccttct gttgttaa atcacatcca 1920
gatggaatta gtcaccctag ataatttacc caagaacaat tctttgattc taagactaca 1980
acagtttgaa tggatatttt ctaatccttt aaaaatgatt ggctttggt ttcctttctt 2040
cgtgttctcg gcttctatca tcttactcac agtctcattg gtccaacact ggggtgcagt 2100
gaaacactac agcagcagca actccagcct gaaagctcag ttcactgttc tgaagtctct 2160
tgctaccttc ttcaccttct tcacatccta ttttctgact atagtcact cttttattgg 2220
cactgtgttt gataagaaat cttggttctg ggtctgcgaa gctgtcatct atggtttagt 2280
ctgtattcac ttcacttcac tgatgatgag caaccctgca ttgaaaaagg cactgaagct 2340
gcagttctgg agcccagagc cttcctgagg caggaaacac agttaagcct ctagggtaag 2400
gagactttgc attggcacag tccctatagt gtaatgcaaa ctggaacaca aacttcatcc 2460
cttttcacat ccacaaatgg ctgcatctat acatcatcac cagtcttccc tgtattctga 2520
cccattctct tctgtccta tccatagtc ccaggttgg tttgattttt ctcatgatca 2580
caccaactct gcttagcttt tgccaccact gtaatagtaa acatggggtg ttctatata 2640
tacagtcaaa atcattctca cattgttgat tgcctcacia attcatataa atcccccttc 2700
ctgtcaggaa tttattgtct gctcacttaa tgctcaccat atattaaagc cattaattcc 2760
cccttcttac cttgagttta agaaggaaaa tgtcttacca ttgccacaa cctattctgc 2820
tgcttctaga cttttatgca agtgatttat acacacacac acacacacac acacacatac 2880
aaacaac
2887

```

<210> 141

<211> 335

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R19, mGR19

<400> 141

```

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

```

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

<210> 142

<211> 1698

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R19, mGR19

<400> 142

```

ctgcagccta gagaactaat gcataggaaa cttatattcc cacctccgtg acgtcactct 60
gacagaagtg aacttatatt cccacctccg tgacgtcact ctgacagaag tgacttgttt 120
ttgtatgatg ctccaggatg cctcattagc attgaggaca atcataatta agtaaggcaa 180
ggcatgaagg tggctctcac taggtacctg gaggtttctg gttgcatgat ttacttgtga 240
tgactctgac acttaagaag acctgaaaaa tgcaaaagct gtcataaggc acagttcggt 300
tctatgggat ctcttcctta tttgactgac attgagttga gaaggcagca ctataaacia 360
atggggccca ccttctcttt ccattgtctt tgggttggca tcatctccaa aggaaccttg 420
gtctagttag aagaagccag aatcataca tggctgagac tgtgcataac tctatgtatc 480
atttaaagaa gtcattgggt cttcttattt taaaatgatg gaaggtcata tgctctcttt 540
ccttctgggt gtgtagtgac agtttttaac tgggttcttg gcaaatggcc tcatgttgtt 600
tgtcaatgcc atcgacttga tcatgtggaa gaaaatggcc ccactggatc tgcttctttt 660
ttgcttggcg acttctcgga tcatcttcca attgtgtata ttgtttgcac agctgggtct 720
atctgttttg gtgagacaca cgttatttgc tgacaatgtt accttctgtc acattataaa 780
cgaactgagt ctctggtttg ccacatggct tgggtgtttc tactgtgcca agattgttac 840
catccctcac ccactctttc tgtggctgaa gatgaggata tccaggttgg tgccatggct 900
gatcctggca tctgttgtct atgtaactgt tactactttc atccatagca gagagacttc 960
agaacttcct aagcaaatct ttataagctt tttttctaaa aatacaactc gggtcagacc 1020
agcgcattgc aactactctc cagtctttgt ctttgggtc aactaccat ttctcatctt 1080
cactgttgct gttctgtctt tgttgcctc cctgtggaac cacagccggc agatgaggac 1140
tatggtggga actagggaac ctacagaca tgccctcgtc agtgcgatgc tctccattct 1200
gtcattcttc atctctatc tctccatga catggtagct gttctgatct gtaccaagg 1260
ctccactttt ggaagcagaa ctttgcatt ctgcttattg gttattggtg tgtacccttc 1320
cttactctcg attgtcttaa ttttaggaaa ccctaagctg aaacgaaatg caaaaacgtt 1380
cattgtccat tgtaagtgtt gtcattgtgc aagagcttgg gtcacctcaa ggaacccaag 1440
actcagcgac ttgccagtgc ctgtactca tcaactcagc aacaagacat cctgctcaga 1500
agcctgtata atgcatctt aattgtccaa cctgaggctt aatcatttca aagggtaaat 1560
tgatgatcaa agcccaacac atgatatgac atcaaggtcc atatccagc agtcatgttg 1620
aaataccacc ttgcaaatg atgtcattga gaaaccaggg caaatggagt ctaggtcttt 1680
cagtatgatt tgctgcag

```

<210> 143

<211> 295

<212> PRT

<213> 小鼠 (Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R20, mGR20

<400> 143

Met Asn Leu Val Glu Trp Ile Val Thr Ile Ile Met Met Thr Glu Phe

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

<210> 144

<211> 1394

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R20, mGR20

<400> 144

```

ctagatgggc tgtttcatat aatgactgga actccctaca tgctccacgt cttgagttct 60
aaaatttcac taacaaattt ttgactgcca taaataatga aggtttaaag aaagaacaac 120
atttgaagca atggaccaga attcctcttt atttgactct tagcaaattg gaatgcagca 180
tcctttcaag agcagcactg aaatatacca gtcaatggca gagagtaaaa aagtatgcaa 240
ttggagacat tatggtaata taaatttcca ttaaaaatga gactgcattc acctattaca 300
acacattgct attctgctca acacagagtt aaaaagaaac aagaactctt gtatacattc 360
agttagtac aagtataatt atgttcacat attttaaaaa aatgaatcat gatctgtgaa 420
ttgagcctgg ctttttttgt ctctctcttt ttattctttt ccttttagaca gacacaatga 480
atttggtaga atggattggt accatcataa tgatgacaga atttctctta ggaaactgtg 540
ccaatgtctt cataaccata gtgaacttca tcgactgtgt gaagagaaga aagatctcct 600
cagctgatcg aattataact gctattgcca tcttcagaat tggtttgttg tgggcaatgt 660
taacgaactg gcattcacat gtgtttactc cagacacaga caatttaca atgagagttt 720
tcggtggaat tacctgggct ataaccaacc atttaccac ttggctgggg accatactga 780
gcatgtttta tttattcaag atagccaatt tttccaacag tctatttctt catctaaaaa 840
gaaaactga caatgttcta cttgtgattt tcctgggatc gtctctgttt ttggttgc 900
atcttgggat ggtgaacatc aagaagattg cttggatgag tattcatgaa ggaaatgtga 960
ccacaaagag caaactgaag catgtaacaa gcacacaaa tatgtctctc ttcagcctga 1020
taaacattgt accatttggg atactactga actgtgttct gctcttaatc tattccctga 1080
gtaaacatct caagaatatg aaattctatg gcaaaggatg tcaagatcag agcaccatgg 1140
tccacataaa ggcttgcaa actgtggtct cttttctctt gttatatgcc acatactctt 1200
cctgtgtcat tatatcaggt tggagtgtgc aaaatgcacc agtcttcttg tttgtgtga 1260
caattggatc cttctacca gcaggtcatt cttgtatctt gatttgggga aaccagaaac 1320
ttaaacaggt ctttctgttg ttgctgaggc agatgagatg ctgactgaaa aatgaaagt 1380
ccccctgtct ctag                                     1394

```

<210> 145

<211> 305

<212> PRT

<213> 小鼠 (Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R21, mGR21

<400> 145

```

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

```

Leu Phe Leu Ala Ile Ser Arg Met Val Leu Ile Trp Glu Met Leu Ile
 50 55 60
 Thr Trp Ile Lys Tyr Met Lys Tyr Ser Phe Ser Phe Val Thr Gly Thr
 65 70 75 80
 Glu Leu Arg Gly Ile Met Phe Thr Trp Val Ile Ser Asn His Phe Ser
 85 90 95
 Leu Trp Leu Ala Thr Ile Leu Ser Ile Phe Tyr Leu Leu Lys Ile Ala
 100 105 110
 Ser Phe Ser Lys Pro Val Phe Leu Tyr Leu Lys Trp Arg Glu Lys Lys
 115 120 125
 Val Leu Leu Ile Val Leu Leu Gly Asn Leu Ile Phe Leu Met Leu Asn
 130 135 140
 Ile Leu Gln Ile Asn Lys His Ile Glu His Trp Met Tyr Gln Tyr Glu
 145 150 155 160
 Arg Asn Ile Thr Trp Ser Ser Arg Val Ser Asp Phe Ala Gly Phe Ser
 165 170 175
 Asn Leu Val Leu Leu Glu Met Ile Val Phe Ser Val Thr Pro Phe Thr
 180 185 190
 Val Ala Leu Val Ser Phe Ile Leu Leu Ile Phe Ser Leu Trp Lys His
 195 200 205
 Leu Gln Lys Met His Leu Asn Ser Arg Gly Glu Arg Asp Pro Ser Thr
 210 215 220
 Lys Ala His Val Asn Ala Leu Arg Ile Met Val Ser Phe Leu Leu Leu
 225 230 235 240
 Tyr Ala Thr Tyr Phe Ile Ser Phe Phe Leu Ser Leu Ile Pro Met Ala
 245 250 255
 His Lys Thr Arg Leu Gly Leu Met Phe Ser Ile Thr Val Gly Leu Phe
 260 265 270
 Tyr Pro Ser Ser His Ser Phe Ile Leu Ile Leu Gly His Ser Asn Leu
 275 280 285
 Arg Gln Ala Ser Leu Trp Val Met Thr Tyr Leu Lys Cys Gly Gln Lys
 290 295 300
 His
 305

<210> 146

<211> 2567

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R21, mGR21

<400> 146

```

ctcttttgaa gacaatagtt gttctactag ctattgatag catgtttaca tttgtcattt 60
tcaagtatgt tcagaaacaa agctacatat tgtggggagt atataaaata tgaaagcatg 120
ccattcccag gcatccaagg atccctgtgt attaaaaggc aacaaagcag aaccaaatgt 180
tctgttttgg acatgagctt cttccaattc aactgctgaa aaatttggat aactacatat 240
aaaactaaga acacagagtg tcacagagca gtctctgctc tccaattcac caggattaat 300
attgacagac ccaaaagatg tcatttaggt aaattttgga tgaatcatat tgttgtcacc 360
tttgtgctct agaacataag ctgatagaat caaattttct ttagcagaga caatgcaaat 420
tgatataaca gtgaaagaga atatatcttt atttgcatgt tagcaaatga cagctggatg 480
cacttcatga ttttctgcaa tctagttcag tctttagaag gatatatata tatatatata 540
tatatatata tatatatata tatatatata tataaacctt agtcttgaaa gatatcagaa 600
agaaggattt cacaagaatg tacagagcca ttagcaaaat ttaatatata tcatcgacat 660
taggtcagtc actacataag aaggacttga atgaaagctt atcttagttt ttgagactac 720
agggacattt caccttgcca aatgagaagc agtgagtctt cttgtcttgg acatgggaag 780
caatgtgtat ggtatcttaa ctatggttat gattgcagag tttgtatttg gaaatatgag 840
caatggattc atagtgtga taaactgcat tgattgggtc aggaaaggaa ctctttcttc 900
cattggttgg atctgctttt tcttgccat ttcaagaatg gtgttgatat gggaaatgtt 960
aataacatgg ataaaaata tgaagtattc attttcattt gtgactggaa cagaattacg 1020
gggtatcatg tttacctggg taatttccaa tcacttcagt ctctggcttg ccactattct 1080
cagcatcttt tatttgcctc aaatagccag tttctccaaa ccggtttttc tctatttgaa 1140
gtggagagag aagaaagtgc ttctgattgt ccttctggga aatttgatct tcttgatgct 1200
caacatatta caaataaaca aacatataga aactggatg tatcaatatg agagaaatat 1260
aacttggagt tctagagtga gtgactttgc agggttttca aatctggtct tattggagat 1320
gatttgttgc tctgtaacac cattcacagt ggccctggtc tccttcatcc tgttaatctt 1380
ctccttggg aaacatctac agaaaatgca tctcaattct agaggggaa gagaccccag 1440
cactaaagcc catgtgaatg ccttgagaat tatggtctcc ttctcttac tctatgccac 1500
ttacttcata tctttttttc tatcattgat tcccatggca cataaaacac gactgggtct 1560
tatgttttagc ataactgttg ggcttttcta cccttcaagc cactcattta tcttaatttt 1620
gggacattct aatttaaggc aagccagtct ttgggtgatg acatatctta aatgtgggca 1680
aaagcattag aatttacta ttccataagg cagccaaacc acgtgctact aggtatatga 1740
tactactcag tggtaaagcc ctaggcaaac attaacctta gaaaatatat aattttgtga 1800
ctcttctgta tttgataaat cactcacata tttagaagaa tgctacagta gtgtgatctt 1860
gtacatgatt gtaacaattc aattttatta atatagttca ggcatgataa catacccctg 1920
ataactgaaa agtaagtagg atgctacata tatatttaga tctagactta ggggcaaaga 1980
gagaccagc tgatagctgt gcaataaaga ttttaatttt catcctgttg tgagttatct 2040
gaaatctatg tcaactgaag cataagcaag attttcacac actgaaacaa tctcttatgc 2100
tttcttatat tgttttaaaa gttaaattaga aaatttaaat aaacttaatg gcaattgaaa 2160
ttacaaaagc taaacacatg tggttattag aaattagact gtatgtaggt cctaggggat 2220
ggcttagtaa agtgctttgt tgcaagcttc aggatatgat tctaaatccc tagattcaat 2280
taaaaacctg gcataaatag ccaatgtaaa atttgtctgt aaaatgtaac cagtgctaag 2340
agtaccaaga caacaaaatg tttactttta aaaccattta ttgatattct tttaaaaata 2400
ggtatgtatt ttactattta aataagattt tgtcaaaagc tagtcttgac accttaggta 2460
aacataggaa ggcaacaagt ttgaagtcag ctactgggga cagtgtgctg agcagctgac 2520
agaggccact gctgactaca gcagatcatt tacaggttca gcactag 2567

```

<210> 147

<211> 309

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R22, mGR22

<400> 147

```

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

```

Phe Leu Tyr Leu Ser Val His Pro Phe Leu Leu Val Leu Trp Asn Ser
 275 280 285
 Lys Leu Lys Trp Thr Phe Gln His Val Leu Arg Lys Leu Val Cys His
 290 295 300
 Cys Gly Gly Tyr Ser
 305

<210> 148

<211> 1488

<212> DNA

<213> 小鼠 (Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R22, mGR22

<400> 148

```

aaatgaataa tttcatgcaa aggataccat tagaatatga tcactattta aatttttagca 60
aatacatatt caaataaccag cacaatgttt caaatttaaa atataaacat tataaaaccc 120
agcagagaac aaaatgatag ccttgataat tgttggtttg ctcaagaaaa atgggtgtat 180
actttaacat ttaattggga actcagttga gagcatacat ttagggtttt acagaggtat 240
tcattgcccc ttttaagattt ggattcacac atctacatca atgtggctgt aatccatttt 300
cccatgatga aataaggtag agactgccta ttaaacgaca tgctgagcct actggagatt 360
ttctttgtga tcatttcggt tgtagaattc ataataggaa ctttgggaaa tggattttatt 420
gtcctgataa acagtacttc ttggttcaag aatcagaaaa tctctgtaat tgatttcatt 480
cttacttggg tggccatctc cagaatgtgt gttctatgga caacaattgc tgggtgcctct 540
ctcaggaaat tctacaagac gttaagttac tctaagaatt tcaaattttg ttttgacatt 600
atctggacag gatccaacta tttatgcata gcctgtacaa cgtgcatcag tgtctttctac 660
ttgttcaaga ttgccaaactt ttctaattcc attttcttct ggattaaaca gagaattcat 720
gcagtacttc tggctattgt cctaggcaca ctcatgtatt tcattttatt tctcattttt 780
atgaaaatga tagctaataa ttttatctac aaatggacaa aattggaaca aaacacaaca 840
ttccctgttt tagatactct aagtggtttc ttagtctacc atagcctcta caatgggatt 900
ctcattttct tttttatagt gtctctgacc tcatttcttc ttttaatctt ctctttatgg 960
agccacctta ggaggatgaa actacagggc atacatacca aagacataag cacagaagca 1020
cacataaaaag ctatgaaaac tatgatgtca ttccttttgt tcttcatcat atattatatt 1080
agcaacatta tgcttattgt ggcaagctcc attcttgaca atgtggttgc acaaattttc 1140
tcttataacc taatatttct gtatttatct gttcatcctt ttcttctggt tttatggaac 1200
agcaaattga aatggacatt ccagcatgta ttgagaaagc tgggtgtgtca ttgtggaggt 1260
tattcttgat ttcagtaa atactcaata taactgatgg atttctaagg taagaaaaat 1320
ggaacaagga ataaagagga gaaatatatt ccttttcaga tcatctgctc tgtcattctg 1380
tccttagcat gctattaaga attgttgact aaatccagtc atttttaaca tgaggaaagg 1440
atgtttcaat ccaacttaga gaggtacaaa aatagtccta ggaggcag 1488

```

<210> 149

<211> 333

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R23, mGR23

<400> 149

```

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

```

His Ile Ser Gly Ala Val Phe Pro Ile Ser His Ser Phe Val Leu Ile
 290 295 300
 Leu Gly Asn Ser Lys Leu Arg Gln Ala Ser Leu Ser Val Leu Pro Cys
 305 310 315 320
 Leu Arg Cys Gln Ser Lys Asp Met Asp Thr Met Gly Leu
 325 330

<210> 150

<211> 1442

<212> DNA

<213> 小鼠 (Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R23, mGR23

<400> 150

```

aattttcagc aaccaatatg tagactgctt aaatgcatca gaaacattat aaattgaagc 60
atgttttcac agaaaaataaa ctacagccat ttgtttactt tttcaatcac cttgtatgtg 120
gaaatagtaa cgggaatcctt aggacatgga ttcatagcat tagtgaacat catggactgg 180
gtcaaaagaa gaaggatctc ttcagtggat cagattctca ctgctttggc ccttaccaga 240
ttcatttatg tcttgtctat gctgatttgc atattgttat tcatgctgtg cccacatttg 300
cctaggagat cagaaatgct ttcagcaatg ggtattttct gggtagtcaa cagccatttt 360
agcatctggc ttactacatg cctcgggtgc ttttatttct tcaagatagc caatttttct 420
aactcttttt ttctttatct aaagtggaga gttaaaaaag tgattttaat aataatcctg 480
gcatcactga ttttcttgac tttacacatt ttatcttttag ggatatatga tcagttctca 540
attgctgctt atgtaggaaa tatgtcttat agtttgacag atttaacaca attttcagtg 600
actttcttat tctccaactc atccaatgtt ttcttaatca ccaactcatc ccatgttttc 660
ttacccatca actccctgtt catgctcata cccttcacag tgtccctggt agcctttctc 720
atgctcatct tctcactgtg gaagcatcac aaaaagatgc aggtcaatgc caaacaacct 780
agagatgtca gtactatggc ccacattaaa gccttgcaaa ctgtgttctc cttcctgctg 840
ctgtatgcca tatacttact tttccttata ataggaattt tgaaccttgg attgatggag 900
aaaatagtga tactgatatt tgaccacatt tctggagcag tttttcctat aagccactca 960
tttgtagtga ttctgggaaa cagtaagctg agacaagcca gtctttctgt gttgccttgt 1020
ctaagggtgcc agtccaaaga tatggacacc atgggtctct agtaaattcc agagtacatt 1080
ttgtaaaaat cttgaggatg atcagttcat agaaaaaagt taccttatgg gggaaaataa 1140
aaagtggggc ttcaatcctg ggagtaataa tacacaggag ggtaggacag catgaaggag 1200
actagcacta tataagtggg ctcatcacagg atatgggaaa ggaaagattt atgcaataaa 1260
gagggagatc atattggagg atgaggagc attacatag taaaatgact ataagaatgg 1320
aatcatgcta atctaataaa atctgtaatg catttcattc agactatata catatatgcc 1380
tatatatgga tatatgggga tatatatctt atacatattt taaaagaacc tttcttatat 1440
ag
1442

```

<210> 151

<211> 309

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R24, mGR24

<400> 151

```

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

```

Thr Ser Leu Trp Val Met Arg Gln Leu Gly Cys Arg Met Lys Arg Gln
 290 295 300
 Asn Thr Pro Thr Thr
 305

<210> 152

<211> 1465

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R24, mGR24

<400> 152

```

caaagaggag aaatathtag ctacacagtg taccacatac aagccgttca atcagtataa 60
ggggagcagt catatagaat ttgggctttc tttcttttaa tatggtacct gttctgcaca 120
gtctctccac catcatacta attgcagagt ttgtttgggg aaatttgagc aatggtttga 180
tagtggtgaa gaactgcatt gactggatca ataaaaaaga gctctccaca gttgatcaaa 240
tactcattgt cttggcaatt tcaagaatta gtctcatctg ggaaacacta attatatggg 300
ttaagatca actaatttca tctattacta ttgaagaatt aaaaataatt gtgttcagct 360
ttatactatc tagccacttc agtctctggc ttgctacagc tctcagcatc ttctatttat 420
tcagaatacc taattgctac tggcagatct ttctctactt gaaatggaga ataaagcaac 480
tgattgtcca catgcttctg ggaagcttgg tgttcttggg tgcaaatatg atacagataa 540
ccatcactct tgaagagagg ttctatcaat atggaggaaa tacaagtgtg aattccatgg 600
agactgagtt ctcaattttg atagagctga tgttatTTaa catgactatg ttctccatta 660
taccattttc attggcctta atttcttttc ttctgctaatt cttctcttta tggaaacatc 720
tccagaagat gccactcaat tctagaggag atagagaccc tagtgctacg gccacagaa 780
atgccttgag aattttgggc tccttctctt tgctctatac tatatatTtc ctgtctcttc 840
ttatatcatg ggttgctcag aagaatcaaa gtgaactggg tcacattatt tgtatgataa 900
cttactcgtg gtatccttca ttccactcat atatcctgat tctgggaaat tataaattaa 960
agcagacctc tctttgggta atgaggcagc tgggatgtag gatgaaaaga cagaatacac 1020
caactacata aggcagccaa acagtctatt gggTTTTaga taacaaatct aaatctatga 1080
ggaagtagtt caataacatt tttccccttg acatggagta gcagggtttt tttttattag 1140
atattttctt tacttacatt tcaaatgcta tcccgaaaat tccctgtacc ctctccctgt 1200
cctgttcccc taccaccca ctcccacttc ttggccctgg cattcccctg gagtatcagt 1260
tttttattag tcaaactatc tactgacta agggtcataa aacaagttat tttaacacta 1320
atttcaatta aatcaaaggt aaagtgtcag cacatgcctt taatcacaca attccatcaa 1380
attcagcact caggagaggg tgatctctgt gaattccagc acactggcgg ccgttactag 1440
tggatccgag ctcggtacca agctt                                     1465

```

<210> 153

<211> 311

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R25, mGR25

<400> 153

```

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

```

Asp Val Arg Met Leu Val Pro
305 310

<210> 154

<211> 1103

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R25, mGR25

<400> 154

```

aaaactattc gaattgaaca cagtaaccaa ttcttcagcg gacttacaca aatcaagcta 60
ttatcttatg gatgatgggt attgccatag atatcttatg ggcagctatt atcattgtgc 120
aattcataat tgggaatatt gcaaatggat tcatagcatt ggtgaacatc atagactggg 180
tgaagagaag aaaaatctct ttaatggata agatcattac tgctttggca atctctagga 240
tttatctgct gtggtctaca ttcttaatta cactaacatc ttcactggat ccagatatta 300
aaatggctgt gaaaatcatt agaataagca ataacacctg gattattgca aatcatttca 360
gcatttgggt tgctacatgt ctgagcatct tttattttct caagatagcc aatttttcta 420
actatatttt tctctactta aggtggagat ttaagaaggt ggtttcagt acattgctaa 480
tctctcttat ctctctgctt ttaaataatt tactgatgaa catgcatatt gatatctgga 540
gtgataagtc caaaagaaac ctttctttta gtgtcagatc aaataattgc actcagtttc 600
ccagacttgt ctttttaatc aacacaatgt tcacatcaat ccccttcaact gtgtccctgt 660
tggttttctt gcttctcatc ttctccctgt ggagacacct gaaaaccatg caatactatg 720
ctaaaggctc cgaagacacc accacagctg cacatataaa ggccttgcac atggtagtgg 780
cctttctcct gttctacaca gttttctttt tgtctcttgc catacaatat tggacctctg 840
ggctctcaaga gaataacaac ctgttttatg ccacaattgt aattactttc ctttcagtcc 900
attcatgtat cctgattctg agaaacagcc agctgaggca ggcattctctg ttggtgctgt 960
gggtggctgct gtgcaagtcc aaagatgtac ggatgttggt tccctgaaat actctgtcaa 1020
tgctctttag tagtgaagaa gaaaatagct tagttaagga aattcttggt cattaccgaa 1080
gtatactttc aagtttatgt atc 1103

```

<210> 155

<211> 308

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R26, mGR26

<400> 155

Met Leu Pro Thr Leu Ser Val Phe Phe Met Leu Thr Phe Val Leu Leu
1 5 10 15

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

<210> 156

<211> 3437

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R26, mGR26

<400> 156

```

gaattctaga caaggaaaga cacacactaa atgactttac ttgtgggacc taaaataacc 60
aaaataagtc aaaatcacag tgatgttact agggatctag gataaggga tgaagagaaa 120
gatgttggtc atagagtaca aaaattcagc taagaactca gtcctggagg ctgaatgtat 180
agctgtgtga cagacagcag ctagccatac cagagtatac acttgccctc tgctgaaaga 240
gtagatctta tgtgtccttg tcacacataa aagtaattga aaaagtaact ctctgagatg 300
acagatacgt taaaatgggt ttacttttca acctgctcca gtaggggtcc ctttaatgtt 360
tgtgctagta gatgggggac tctcaagtat ctttgttgta gacaaatcta aggtggcctt 420
catgaatacc aaccagact tttgtgactt tgtgatcccc cacttttgaa gtggataaga 480
gctgtgactt gactctaate aaaggagtcc aacgtgttgt ttattctgta acagtgtttt 540
gtgtttctag ttaataacac aggcaagaa ggctagggtg acattcctag gatttgttta 600
tttctatctt gctcatgcct ccctctgctg gtctaataa ataagtcagt ggccatattt 660
aaatatgact acgtggcaaa tactgatgat agcctgtgtg ttccaacaaa tatccagtag 720
gagacctagg cattcagtc tgcagccaca aggaatatag ttctttcact ggaaaaagag 780
cagtttagat ggtataaat tacttaatcc atagaagcca taggggcttt atgtagagat 840
ttgggtagag aggtagacct agatattgac ttaggagtgg ctattcctga gtggggtag 900
atatatggca gggaaactca gataagaaag acttctttag tgtcacgatt tttcctaggt 960
atctccttgt gccagatata tatgcgtcta tgcacctacc tacctaccta cctacctacc 1020
tacctaccta cctactgaca cctaatagga agaggcaagt ggtcacacc tgcaatgatg 1080
ggataagaat gatggaactc agttaccaag attaaaatac cttccccact gatgttattg 1140
caagcatggc agcatgtagg caaatcaga gaaggcaaat catgagcagc tgctgcccc 1200
tggtaccoga gcccgggaaa tatttgcatc atatctgagc caaaagcaca ctttttatct 1260
actgcctgag catttttcac attgaagttc tggtcacat gcagaatcca accatttata 1320
tcctgtctcc agaaggaggt gtcagggact gtgggtaggg gcagggagga ggccaggaac 1380
caaggcaatc agtggtgaca ggaggaggga ctgaaatgct accaacatta tcagttttct 1440
tcatgttgac cttgtttctg ctctgtttcc tggggatcct ggccaacggc ttcatgtgc 1500
tgatgctgag cagggaatgg ctactgcgtg gtaggtgct cccctcgagc atgacacct 1560
tcagtttggg cacctccga ttctccagc agtgtgtggg attgtgcaac agtttctatt 1620
acttctcca tctggttag tactccgga gccttgcccg gcagtcatt agtcttact 1680
gggacttctt gaactcagcc actttctggt ttgtacctg gtcagcgtc ctgttctgta 1740
tcaagattgc taacttctcc catcctgcct tcctgtggtt gaagtggaga ttcccagcgt 1800
tggtgccctg gttctgttg ggctctatct tgggtgccgt cattgtaact ctgctgttct 1860
tttggggaaa ccacactata tatcaggcat tcttaaggag aaagtttact gggaacacaa 1920
cctttaagga gtggaacaga aggctggaaa tagactattt catgcctctg aaagttgtca 1980
ccatgtcaat tcctgtttct cttttctggt tctcaatttt gctgttgatc agttctctca 2040
gaaggcattc gctaagaatg cagcacaata cccacagctt gcaagacccc aacgtccagg 2100
ctcacagcag agccctgaag tcaactcatc cattcctggt tctttatgcg gtgtcctttg 2160
tgtccatgat cattgatgct acagtcttca tctcctcaga taatgtgtgg tattggccct 2220
ggcaaattat actttacttt tgcatgtctg tacatccatt tatcctcacc accaataate 2280
tcaggttccg cggcaccttc aggcagctac tcctgttggc caggggattc tgggtggcct 2340
agaaggcttg gtctctttat ctagagcctt tgaagagact caggtgaggg taacttact 2400

```

```

tggaagtgag ctcactctac tggaatgtc tttgtaggca ggcatggggt catactgtga 2460
ggttcctcat tgggaaagag gagaagaaaa tacagagtgt ccttccttac cttaggatat 2520
tatgaaagtg gaaattccga atcctggacc agtattgatc taagtgcaaa gtacaatatg 2580
tcctgttcct ttcattgtctg ttttcctttt gttactgatt cattctctag ggaatagtct 2640
tgatcaactg aatcatctca tctggctggc cactggggag gtaaaagaac tttgtgtcac 2700
tgctgcattg ggatatacat ggggtgggaag caagtgtccc tgaggcagag tagcactcag 2760
tatgagaacc tcaaagagca ggtggctgtg catgcagggg ctggggcaag gagtctgat 2820
cactcttcac tgtatgggga ttatttgtct ctgccaaaa tttggagact ttggcttttag 2880
ttttgtgaag atgactggaa aaattcttaa tgctaccctg tatcatttct caataatatt 2940
ttccttttcc tgcctttaat tttctcctat ctgcagcgcc ccttgcttgt tatccgtaaa 3000
taaataaata aataaataaa taagcccaat cctcattttc ctgtctttgg gaaccctttt 3060
acttccccag gtatacgcta caaagccact tctgcattga ataaacatta tctttcattc 3120
agaaaaagac ttaagaatct cacctttaca aaaaaaaaaa aaaaagaatc tcacttattt 3180
tatattcaaa ttccattttt aaaaagaaaa gcacagcatt aatttttcta aatactgttt 3240
ataaaaaataa cttgctctaa gaattataca aatgttttga aaggtaactt tggaaaaaaa 3300
gtgtgattag acatggatgt ttgtaagaca gaacaaagag ctcttgaag tccatggcag 3360
ctcattggtc ttgccttcag tagagcctgt ctgaatcctg taacctctta tgcccttttg 3420
tagcttttct gcagatc                                     3437

```

<210> 157

<211> 340

<212> DNA

<213> 小鼠 (Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R27, mGR27

<400> 157

```

gaattcgccc ttgcgggac cggaacgga ttcatagcac tggtaaactt catgggctgg 60
atgaagaata ggaagattgc ctccattgat ttaatcctca caagtctggc catatccaga 120
atttgtctat tgtgcgtaat actattagat tgttttata tgggtgctata tccagatgtc 180
tatgccactg gtaaagaaat gagaatcatt gacttcttct ggacactaac caatcactta 240
agtatctggt ttgcaacctg cctcagcatt tactatttct tcaagatagg taatttcttt 300
caccacttt tcctatgcct caagtctaga cgccaagggc                                     340

```

<210> 158

<211> 82

<212> PRT

<213> 小鼠 (Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R28, mGR28

<400> 158

```

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

```

<210> 159

<211> 341

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R28, mGR28

<400> 159

```

gaattcgccc ttgcgggatac cgggaacggg tttattgtgc tggctgctggg cagggagtgg 60
ctgcgatatg gcaggttgct gcccttggat atgatactca ttagcttggg tgcctccgc 120
ttctgcctgc agttggttgg gacggtgcac aacttctact actctgcca gaaggtcgag 180
tactctgggg gtctcgccg acagttcttc catctacact ggcacttct gaactcagcc 240
accttctggt ttgacagtg gtcagtgct ctgttctgtg tgaagattgc taacatcaca 300
cactccacct tcctgtgtct caagtctaga cgccaagggc g 341

```

<210> 160

<211> 320

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R29, mGR29

<400> 160

```

Met Asp Gly Ile Val Gln Asn Met Phe Thr Phe Ile Val Ile Val Glu
 1           5           10           15

```

```

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

```

<210> 161

<211> 1108

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R29, mGR29

<400> 161

```

agcttgatat ttctatattg ttactgcaca gagttttttt taaaaattga gtttgttatg 60
tggattcaat actcagatag agctctttaa tttttttaca gtgacctcat gaatcataac 120
ttgccttaca gacaatggat ggaatcgtaac agaacaatgtt tacattcatt gtaattgttg 180
aaataataat aggatggatt ggaaatggat tcatagctct ggtgaactgc atacactggt 240
acaagagaag aaagatctct gcactgaatc aaatactcac agccttggct ttctccagaa 300
tctaccttct tttaacagta ttactgttta tagcagtgtc tacgctatac acacacgtgt 360
tggttaactag aagagtggta aaactgatta atttccattt gcttttcagc aatcatttta 420
gcatgtggct tgctgcatgc cttggccttt attattttct taaaatagct cattttccta 480
actctatttt tgttactta aagatgagaa ttaaccaggt ggtttcaggg actttgctca 540
tgtctttggg cctcttggtt ctaaactctc tgctgataaa ctcatacatt gataccaaga 600
tagatgacta cagagaacat ctactgtatg atttacttc gaataatact gcttcatttt 660
acagggttat tttagtcatt aacaactgta tttcacatc tatacccttt acactttccc 720
agtcactttt tctctgtctc atcttctccc tgtggagaca ttacaagaag atgcaacagc 780
atgcacaaag atgcagagat gtccttgcag atgcccacat cagagtcttg caaaccatgg 840
tcacctatgt cctactctgt gccattttct ttctgtctct ttccatgcaa attttgagga 900
gtgagttggt gaagaacatt ctttacgtta ggttctgcga gattgttgca gcagtttttc 960
cttcaggaca ctctgtgtc ttaatctgta gagacacaaa cctgagaggg acctttcttt 1020
ctgtgctatc gtggctgaag cagaggttta catcatggat tctaataata aattgcagat 1080
catcttgcac attctaaaag aaactgag 1108

```

<210> 162

<211> 312

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R30, mGR30

<400> 162

```

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

```

Glu Met Arg Thr Val Asp Phe Phe Trp Thr Leu Thr Asn His Leu Ser
 85 90 95
 Val Trp Phe Ala Thr Cys Leu Ser Ile Phe Tyr Leu Phe Lys Ile Ala
 100 105 110
 Asn Phe Phe His Pro Leu Phe Leu Trp Ile Lys Trp Arg Ile Asp Lys
 115 120 125
 Leu Ile Leu Arg Thr Leu Leu Ala Cys Val Ile Ile Ser Leu Cys Phe
 130 135 140
 Ser Leu Pro Val Thr Glu Asn Leu Ser Asp Asp Phe Arg Arg Cys Val
 145 150 155 160
 Lys Thr Lys Glu Arg Ile Asn Ser Thr Leu Arg Cys Lys Val Asn Lys
 165 170 175
 Ala Gly His Ala Ser Val Lys Val Asn Leu Asn Leu Val Met Leu Phe
 180 185 190
 Pro Phe Ser Val Ser Leu Val Ser Phe Leu Leu Leu Ile Leu Ser Leu
 195 200 205
 Trp Arg His Thr Arg Gln Ile Gln Leu Ser Val Thr Gly Tyr Lys Asp
 210 215 220
 Pro Ser Thr Thr Ala His Val Lys Ala Met Lys Ala Val Ile Ser Phe
 225 230 235 240
 Leu Ala Leu Phe Val Val Tyr Cys Leu Ala Phe Leu Ile Ala Thr Ser
 245 250 255
 Ser Tyr Phe Met Pro Glu Ser Glu Leu Ala Val Ile Trp Gly Glu Leu
 260 265 270
 Ile Ala Leu Ile Tyr Pro Ser Ser His Ser Phe Ile Leu Ile Leu Gly
 275 280 285
 Ser Ser Lys Leu Lys Gln Ala Ser Val Arg Val Leu Cys Arg Val Lys
 290 295 300
 Thr Met Leu Lys Gly Lys Lys Tyr
 305 310

<210> 163

<211> 3775

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R30, mGR30

<400> 163

aaaaatgttc attgtttatc taaaattcaa atttaactga gtgccctaca tttttattta 60
 ttcaatctag tagctgtact gaggttatta gtgtgatttc tgaagcccaa atttgtaaaa 120
 cttagcctca gataaacagc ttgagaccat ggaaagtaat ttggtaaatt tgcaccttag 180
 caaatagtag ctcagcctaa atttaactgtg ttagaaaaag aatgacctgc ggagaagata 240

aatggacata caatatccag gctaaggatt gccaaacaca ctgtttttaa gactaattga 300
gatttagata aactatctac agtcttcatg tataattctc atcttcatca caagacagac 360
ttcaacttaa ggaggtaaag acaaggacag cgaaccctaa acagccaagt gtagaaacca 420
aactgcatca aatcagccag aaactaattg gatacttctc tactttaaaa tgacatacga 480
aacagatact accttaatgc ttgtagctgt tggtagggcc ttagtaggga ttttaggaaa 540
tgcattcatt gcactggtaa acttcatggg ctggatgaag aataggaaga ttgcctctat 600
tgatttaatc ctctcaagtg tggccatgtc cagaatttgt ctacagtga taatcctatt 660
agattgtatt atattggtgc agtatccaga cacctacaac agaggtaaag aaatgaggac 720
cgttgacttc ttctggacac ttaccaacca ttaagtgtc tggtttgcca cctgcctcag 780
cattttctat ttattcaaga tagcaaactt ctccaccct cttttcctct ggataaagt 840
gagaattgac aagctaattc tcagaactct actggcatgt gtgattatct ccctgtgtt 900
tagcctccca gtcactgaaa atctgagtga tgatttcaga cgttgtgtta agacaaagga 960
gagaataaac tctactttga gatgcaaagt aaataaagct ggacatgcct ctgtcaaggt 1020
aaatctcaac ttggtcatgc tgttccccct ttctgtgtct ctggtctcct ttctcctctt 1080
gatcctctcc ctgtggagac acaccaggca gatacaactc agtgtaacag ggtacaaaga 1140
tcccagcaca acagctcatg tgaagccat gaaagcagta atttccttcc tggccctgtt 1200
tgttgtctac tgcctagcct ttctcatagc cacctccagc tactttatgc cagagagtga 1260
attagctgta atatgggggtg agctgatagc tctaattctat cttcaagcc attcatttat 1320
cctcatcctg gggagtagta aactaaaaca agcatctgtg aggggtgctt gtagagtaaa 1380
gaccattgta aagggaaaaa aatattagca tcatgagcat atctgaagaa aaactatcac 1440
tttctaagag aaaggaagac acgatcatta tccgtcctt tcacatgaat attgatttca 1500
tgcagtgaca tctctttaac aaacttaaat tgaaccttga gaaatctcat atacagcaac 1560
tttgcagtgc tctatctctg cttttctct ctttttcaat atgagttgac ataaaaata 1620
attttcagaa caaattataa cagaagaaag ggcattttca taatcagttc tgaatcactc 1680
ctccaaatgc aaagctgcct gacaaattca aaacaattgt aacagcatct cactgtcgtt 1740
tgcattcttt ggaaaagcag gtggtttgtt cttggagcct ggcttagagt tttcttctta 1800
gaccattgaa ttatgttcat gattggagaa gagtcaagta ccaagtaaca atttttattg 1860
tgaagatggg tgttcatcat gtgattttgg ctggcctgga acttgttatg tagactagtc 1920
tgtcatcaaa cacacaaaga tctgcctgcc tcacctgcca gttctaggat tcaaggaatg 1980
caccaccaca gcttgttcaa gtgacaattc ttacaaatgt tttagaaata aataatatac 2040
tagaaattaa cactgaatgt aagtgtgtt taggtataaa ttatgattaa atgttatagt 2100
tagaaaatta tttaagatta tagatcagt atgaaaatat tctagaataa gttttatgaa 2160
gaaactttta taaagaaact ggaaaaaat ctcttgattg catattgaaa caaatttctc 2220
caaaaagaac acctacaaat ttgtctaga catctagact gtatcaaaca gtgaatatga 2280
aaatatcata acaggatata gccttttagta ttgaagacag gttcatctat attaaacctg 2340
catacatacc taaaagacta agtcaatatc ccacaaacat atttgacta tcatgtctat 2400
tgaacacta ttcatagtag ctaaaatatg gcacaaaact agacattcat caatagatga 2460
atcaataaag caaatgtaca tacacaagat gaaattgtat tcaggcataa agaagaatgc 2520
agtcattgtc ttagcaaaaa cataaacaga attggaggtc attgtgataa ttgaaataaa 2580
ccagacctgg aaaaaacaaa acctgtgtaa tttttctgaa gtagagaata tactcttgga 2640
tggatagatg ggtactgtta tagtataaaa tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg 2700
tatttcatga aagcaagaat gggactgctt agagaaagaa aaggacaaac aggtgaaggg 2760
gtgaaagaaa aaggcaatga caaggagtaa tgatatgagc aaagtacat tattaaacat 2820
gtgacaatat tatatagaaa cacatgattt tgtgtgccta ccaaacttg ataataattt 2880

ttaaaatgta tctattaaaa ggaaagaaaa gaaagtgcaa gcccaggaaa gggagaaaag 2940
 gaaacaatga gagagaaatg gaaaatgggtg agaagtgaag agaacaaaaa gaaatggagt 3000
 aagtgtggcc aggaatgaag gatctcagct atagttatcc cagtacggta atacaaatct 3060
 gtgactccag cacttgacaa ggctgagaga tgtgagagag ggccagttaa caaccagtct 3120
 gggcttattc caagagataa gaagattggg ggaaagtatg tagaagggtt tggagggaag 3180
 agagagaaga gggaaatgat gtaatgatag tacaatcaa aagttatatt ttctaaaaaa 3240
 gcaatgggac aggaaaccaa cctaacaagt aaaggtgctt gggtcacaag accagcaacc 3300
 tgagtgcac cttgctagaa tgaaattggc cttactctgg aaagcttact tcctcagtgt 3360
 attcattgtt aaaattcatg tggagatttt aaagaaaaaa ggaaaaaaa agttaaatgg 3420
 tagatttgtg taggggaata ttcccctaata taattgatta gataataaag atgacaagca 3480
 aattgctgtg caaaaaggaa gacaaggtct aagaggggaa gaggggacac gggaggaaaa 3540
 aaaacggccc tttttaaaagc aaggtgggga gtgaggggaag cgagatgtag acagggaact 3600
 gttagacctg gtggcagctt ctgccacctg aagattttca acatagtata gttcatgagt 3660
 ttaggaagat atgttccctg cccagcggtt gtatcatctg ttgattttaa actaagattg 3720
 tctggtgttt tccatttgcg gagactcaag tagaccaaag ggaaagaatg aattc 3775

<210> 164

<211> 310

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R31, mGR31

<400> 164

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

Pro Ile Trp Gly Asp Ile Tyr Val Thr Leu Lys Asn Asn Leu Thr Leu
 145 150 155 160
 Phe Ser Gly Thr Ile Lys Thr Thr Ala Phe Gln Lys Ile Ile Val Phe
 165 170 175
 Asp Ile Ile Tyr Leu Val Pro Phe Leu Val Ser Leu Ala Ser Leu Leu
 180 185 190
 Leu Leu Phe Leu Ser Leu Val Lys His Ser Arg Ser Leu Asp Leu Ile
 195 200 205
 Ser Thr Thr Ser Glu Asp Ser Arg Thr Lys Ile His Lys Lys Ala Met
 210 215 220
 Lys Met Leu Val Ser Phe Leu Ile Leu Phe Ile Ile His Ile Phe Phe
 225 230 235 240
 Met Gln Leu Ala Arg Trp Leu Leu Phe Leu Phe Pro Met Ser Arg Pro
 245 250 255
 Ile Asn Phe Ile Leu Thr Leu Asn Ile Phe Ala Leu Thr His Ser Phe
 260 265 270
 Ile Leu Ile Leu Gly Asn Ser Asn Leu Arg Gln Arg Ala Met Arg Ile
 275 280 285
 Leu Gln His Leu Lys Ser Gln Leu Gln Glu Leu Ile Leu Ser Leu His
 290 295 300
 Arg Phe Ser Ser Leu Tyr
 305 310

<210> 165

<211> 4675

<212> DNA

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 小鼠 T2R31, mGR31

<220>

<221> modified_base

<222> (1).. (4675)

<223> n = g, a, c 或 t

<400> 165

ctgcagcttt ctagaaatct caccagaatg tctttgtgca gctttaatag ttcttggtta 60
 taccttgta cattataagc taagacatct ttggtgccac aatatactct cactaatcag 120
 agagattaga cagaaaaata agtttcttaa caactgtttt agatagggtc atgaaatgac 180
 ataaaacacc aatgctaagg caatccatta tgttttctca tgaggagccc atatgtacac 240
 ttgagtgtgt cttattatct ccctgagtga ttttgtaatt ttattaaaca cttactgtg 300
 attcatacta gttagttctg aaattctttt cttcatcaaa gccattaatc ctgggggttt 360
 ttaaatggag aaccccaaaa caaagtgaat tgttgtgtgt ggagcaggct gtcttccac 420

acactacat gagatgctca ttctgtaatt gtccccgga ataggaaatg cctgaattc 480
 aggcacacaa gagctagtct gtgcacatg tctgggtctt gcattaatac ccacttttgt 540
 cacgaagctt cattgattcg catcttcaga agctggatc attattagtt tctttcctca 600
 ggtgactctg gnccaaaata ttanggcgcc ctttaaaaaa gtaaaactac aaaatttctt 660
 tataattttc ttttaagttg ttataatata gcatgacctt cacacacaca cacacacaca 720
 cacacacaca cacacacaca agtatgcctc tcctttcctt ctaaaaatct cacttaaagc 780
 aattgtttag ctgtcttcga agtctagact gccactgtcg tgcttctagc caaaacaaat 840
 gcaacacata aaatgataga gctcaaaact taggaatcta tttactgtg aagatcacgc 900
 aagcaaacct gagaaacctc tagaaggaaa ccacagcaaa tcaactggaga gaaggtgtta 960
 atctagtaag aatagttttt attttgggta tccttttgta gattgggttag ttcattccaa 1020
 atccaacttg ttatgtcttc ataaattgta agtgtctcca acatcaaagc accacttctc 1080
 tcttttccc tgtatgaaga tgctttaagt acagagttac tcttttctg tactgacagt 1140
 aatttaaaaa aattgttcac tcattctttt ttgggtgtgt tattctgtgt tcctcaatgt 1200
 tatctttttt ttttcaaac tttcttttat aaaaagtcac acacatagca aatgcagtgc 1260
 atgtttatgg aatccataac taacttattg agacttctcc tagtactttc tttgaacagt 1320
 aacaaagata tctgcttcta cagagtgcag tgtttcaggt gaggaggaac atattatata 1380
 aatcagtga aaaaaaatct gattcaaatt tgtattttta tatatttgac tttatcactt 1440
 cagatattac atcaatggga attttgaagg cacacaagtg atgatgtggg catagagact 1500
 gtctgtacta gaatttaata tttcttttaa atatctttta ataaaaatat gatgctgtat 1560
 tcataaacag atctttatag attaagtatg agattaaagt tggaaaaaca aaagacaaaa 1620
 acctaggact aagaatttcc ttaagtatgt gtgaatatca acctaatgga ggaagtttcc 1680
 aatcaaagct gaaattacag taaaaaggag gaagataaat atggaaaagg atgattttct 1740
 gtggaagttt gtttgagaac tgatccacga gacaaattgc tagaagtgtg gattcccttt 1800
 tactattcaa ctgcttatag gactggatca aatgtatatg atactggtaa gagcagtatt 1860
 tataactgga atgctgggaa atatgttcat tggactggca aactgctctg actgggtcaa 1920
 gaaccagaaa atcaccttca tcaacttcat catggctctgt ttggcagctt ccagaatcag 1980
 ctctgtgctg atgttattta ttgatgcaac catacaagaa ctagcgctc atttctatta 2040
 ttcttaccgt ctagtaaaat gctctgatat attctgggtt ataactgac aactatcaac 2100
 atggcttgcc acctgcctga gcatattcta cttattcaaa gtagccaca tttcccatcc 2160
 ccttttctc tgggtgaagt ggagattgag aggtgtgctt gttgttttc ttgtattttc 2220
 ttgtttctta ttgatttctt attttctact gcttgaaca ctctctattt ggggagatat 2280
 ttatgtaacc cttaaaaaca atctgacctt attttcaggt acaattaaga ccactgctt 2340
 tcaaaagata attgtttttg atataatata tttagtccca tttcttgtgt ccctagcatc 2400
 attgctcctt ttatttttgt ccttgggtgaa aactcccga agccttgacc tgatttctac 2460
 cacttctgaa gattccagaa ccaagattca taagaaggcc atgaaaatgc tgggtgtctt 2520
 cctcattctc tttataattc acattttttt catgcagtta gcacgggtgt tattattttt 2580
 gtttccaatg agcaggccaa ttaatttcat ctttaacatta aatatctttg ctttaactca 2640
 ctcatattt ctatccttg gaaatagcaa tcttcgacag agagcaatga ggatcctgca 2700
 acatcttaaa agccagcttc aagagctgat cctctccctt catagattct ccagtcttta 2760
 ctagaggaa agcttaacag ggagacttgg aaggctactg gcaaattatt cttctttgat 2820
 ttcttttaag tactgctgaa catatatgaa ctgtcccag agcatagtgc tatcttatga 2880
 gaaggatc atctcacagt ctggttataa aacacaaacc aatcttttta taatttcttt 2940
 acagcattgc taataaaaga ctgtagtct caaatatttt aaagagaata attaatTTTA 3000
 taggcaaaag gtatgaaatt acaattcaca gggaagggtc atgactcctt agatattaaa 3060

```

gttaattgta agccacaata ggcagaagat gagcaaaatg ttgataggag ataaataaaa 3120
tctaaagtta cggagaaaaa aaacatcaac ttgcctttta gattacttta aagctctctc 3180
tctcgctctc tctctctgta tctacttact ttatatatac aaatgttttg tctgcatgta 3240
tttctttgca ccatataaat gtctaagtat ccagaangtc agcagagggc atcaaattct 3300
ctggaaagag agttacaaat tgctgtgggt aacactgggt gctgggaact aacctgagtc 3360
ctctgccaca gcaactgctc ttccctgctg agtcatgttt taagtctcca caacttaaac 3420
tcattgttga tgtggtcatt gcataatgat gaatttacat tctaaggttt gtatcatagg 3480
taggagggct gggtttaatc atattcta atgttctatac aaaccaggt tttgtaagag 3540
actgtattct atcatgagac tctttcccca caccgccaat gtaacatttt tattaatttt 3600
gaggggaatt ttatacagtg taccctgac acccttgctt cccactcctt gcaggctctac 3660
cctcccacca ttgtcaatc cccctaaaa gagagagaaa caaacatgt ccaatttgtg 3720
ttggacacat actcagtgga acatggccaa acccctagtg agcagttcct taaagaaaac 3780
taagctgcct cccaccact accaccatag ggcattaact gtgaagagct acactttagc 3840
tattttatca ccaatttaaa agactgtctt caatagcttc ctctatggac tgtttctggt 3900
tttagtggga caggagagaag gggtaagag gttgtcacag aaacttttga tgtctcttat 3960
tctcagttaa agtccactgc aaaagaagtc tgctggctct aataaagctt gcaacagcat 4020
gggccagtga catcatcatg atttctggca acaatatgga ccacaaatat catggctcag 4080
gtggcattac ggaccacaga catcaacatg gtctctggca gcaagaacca gaatcttttg 4140
aggaggttc attcagaaaa tgaatttttc ttcacccag atatactgat gttgctcaat 4200
cagagtatta gtatggttgg gcaccatatt tggggacagg accttcaata tttccaggct 4260
gctgtgtaac acattatctt tagtgtcagg tgcccttagt gtcaggacat gaccatcatg 4320
tatgcgcctg tgggcagaaa tacatctttg tactttctta cacctagcag ggtgagtagc 4380
aggagcagcg gcattaatac ttccatacct ctgggcagcc tatcaggtat catctaggca 4440
aggtaagccc agtagtggcc caaggtcct ggtgtctact tggcaacaac atgctccttt 4500
gtctgcaactg ccatatctat ggctggttct ccatccctag ttctgcttct ctcaggtttt 4560
atagactct attccacatt ctatttttcc agttccatga aaccagtgtt taaaagtatc 4620
atcccataag accggccttt taaaggttat tctggagata ttgcagagtc tgcag 4675

```

<210> 166

<211> 20

<212> PRT

<213> 人工序列

<220>

<223> 人工序列的描述: T2R 家族共有序列 1, 保守基序 T2R 跨膜区 1

<220>

<221> MOD_RES

<222> (2)

<223> Xaa = Phe 或 Ala

<220>

<221> MOD_RES

<222> (3)

<223> Xaa = Ile, Val 或 Thr

<220>

<221> MOD_RES

<222> (4)

<223> Xaa = Val 或 Leu

<220>

<221> MOD_RES

<222> (6)

<223> Xaa = Ile 或 Val

<220>

<221> MOD_RES

<222> (7)

<223> Xaa = Leu 或 Val

<220>

<221> MOD_RES

<222> (10)

<223> Xaa = Gly 或 Thr

<220>

<221> MOD_RES

<222> (13)

<223> Xaa = Val 或 Ala

<220>

<221> MOD_RES

<222> (18)

<223> Xaa = Ile 或 Met

<400> 166

Glu Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Gly Asn Xaa Phe Ile Xaa Leu Val Asn

1

5

10

15

Cys Xaa Asp Trp

20

<210> 167

<211> 14

<212> PRT

<213> 人工序列

<220>

<223> 人工序列的描述: T2R 家族共有序列 2, 保守基序 T2R 跨膜区 2

<220>

<221> MOD_RES

<222> (1)

<223> Xaa = Asp 或 Gly

<220>

<221> MOD_RES

<222> (2)

<223> Xaa = Phe 或 Leu

<220>

<221> MOD_RES

<222> (3)

<223> Xaa = Ile 或 Leu

<220>

<221> MOD_RES

<222> (5)

<223> Xaa = Thr 或 Ile

<220>

<221> MOD_RES

<222> (6)

<223> Xaa = Gly, Ala 或 Ser

<220>

<221> MOD_RES

<222> (13)

<223> Xaa = Cys, Gly 或 Phe

<400> 167

Xaa Xaa Xaa Leu Xaa Xaa Leu Ala Ile Ser Arg Ile Xaa Leu

1

5

10

<210> 168

<211> 13

<212> PRT

<213> 人工序列

<220>

<223> 人工序列的描述: T2R 家族共有序列 3, 保守基序 T2R 跨膜区 3

<220>

<221> MOD_RES

<222> (3)

<223> Xaa = Leu 或 Phe

<220>

<221> MOD_RES

<222> (4)

<223> Xaa = Ser, Thr 或 Asn

<220>

<221> MOD_RES

<222> (5)

<223> Xaa = Leu, Ile 或 Val

<220>

<221> MOD_RES

<222> (7)

<223> Xaa = Phe 或 Leu

<220>

<221> MOD_RES

<222> (8)

<223> Xaa = Ala 或 Thr

<220>

<221> MOD_RES

<222> (10)

<223> Xaa = Cys, Ser 或 Asn

<220>

<221> MOD_RES

<222> (12)

<223> Xaa = Ser, Asn 或 Gly

<220>

<221> MOD_RES

<222> (13)

<223> Xaa = Ile 或 Val

<400> 168

Asn His Xaa Xaa Xaa Trp Xaa Xaa Thr Xaa Leu Xaa Xaa

1

5

10

<210> 169

<211> 18

<212> PRT

<213> 人工序列

<220>

<223> 人工序列的描述:T2R 家族的共有序列 4, 保守基序 T2R 跨膜区 4

<220>

<221> MOD_RES

<222> (3)

<223> Xaa = Phe 或 Cys

<220>

<221> MOD_RES

<222> (8)

<223> Xaa = Asn 或 Ser

<220>

<221> MOD_RES

<222> (11)

<223> Xaa = His 或 Asn

<220>

<221> MOD_RES

<222> (12)

<223> Xaa = Pro 或 Ser

<220>

<221> MOD_RES

<222> (13)

<223> Xaa = Leu, Ile 或 Val

<220>

<221> MOD_RES

<222> (16)

<223> Xaa = Trp 或 Tyr

<400> 169

Phe Tyr Xaa Leu Lys Ile Ala Xaa Phe Ser Xaa Xaa Xaa Phe Leu Xaa

1

5

10

15

Leu Lys

<210> 170
<211> 14
<212> PRT
<213> 人工序列

<220>
<223> 人工序列的描述:T2R 家族共有序列 5, 保守基序 T2R 跨膜区 5

<220>
<221> MOD_RES
<222> (4)
<223> Xaa = Ile, Phe 或 Val

<220>
<221> MOD_RES
<222> (8)
<223> Xaa = Lys 或 Arg

<220>
<221> MOD_RES
<222> (10)
<223> Xaa = Ser 或 Thr

<220>
<221> MOD_RES
<222> (11)
<223> Xaa = Lys 或 Arg

<220>
<221> MOD_RES
<222> (12)
<223> Xaa = Gln 或 Lys

<220>
<221> MOD_RES
<222> (13)
<223> Xaa = Met 或 Ile

<220>
<221> MOD_RES
<222> (14)
<223> Xaa = Gln 或 Lys

<400> 170

Leu Leu Ile Xaa Ser Leu Trp Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1

5

10

<210> 171

<211> 14

<212> PRT

<213> 人工序列

<220>

<223> 人工序列的描述:T2R 家族共有序列 6, 保守基序 T2R 跨膜区 6

<220>

<221> MOD_RES

<222> (3)

<223> Xaa = Phe 或 Leu

<220>

<221> MOD_RES

<222> (4)

<223> Xaa = Ile 或 Val

<220>

<221> MOD_RES

<222> (7)

<223> Xaa = Leu 或 Met

<220>

<221> MOD_RES

<222> (8)

<223> Xaa = Gly, Ser 或 Thr

<220>

<221> MOD_RES

<222> (10)

<223> Xaa = Pro, Ser 或 Asn

<220>

<221> MOD_RES

<222> (13)

<223> Xaa = Lys 或 Arg

<220>

<221> MOD_RES

<222> (14)

<223> Xaa = Gln 或 Arg

<400> 171

His Ser Xaa Xaa Leu Ile Xaa Xaa Asn Xaa Lys Leu Xaa Xaa
1 5 10

<210> 172

<211> 300

<212> PRT

<213> 小鼠(Mus sp.)

<220>

<223> 在来自品尝者和非品尝者品系的等位基因中具有氨基酸取代的小鼠 T2R05, mGR05

<220>

<221> MOD_RES

<222> (44)

<223> Xaa = Ile 或 Thr

<220>

<221> MOD_RES

<222> (85)

<223> Xaa = Val 或 Ile

<220>

<221> MOD_RES

<222> (101)

<223> Xaa = Ala 或 Thr

<220>

<221> MOD_RES

<222> (155)

<223> Xaa = Asp 或 Gly

<220>

<221> MOD_RES

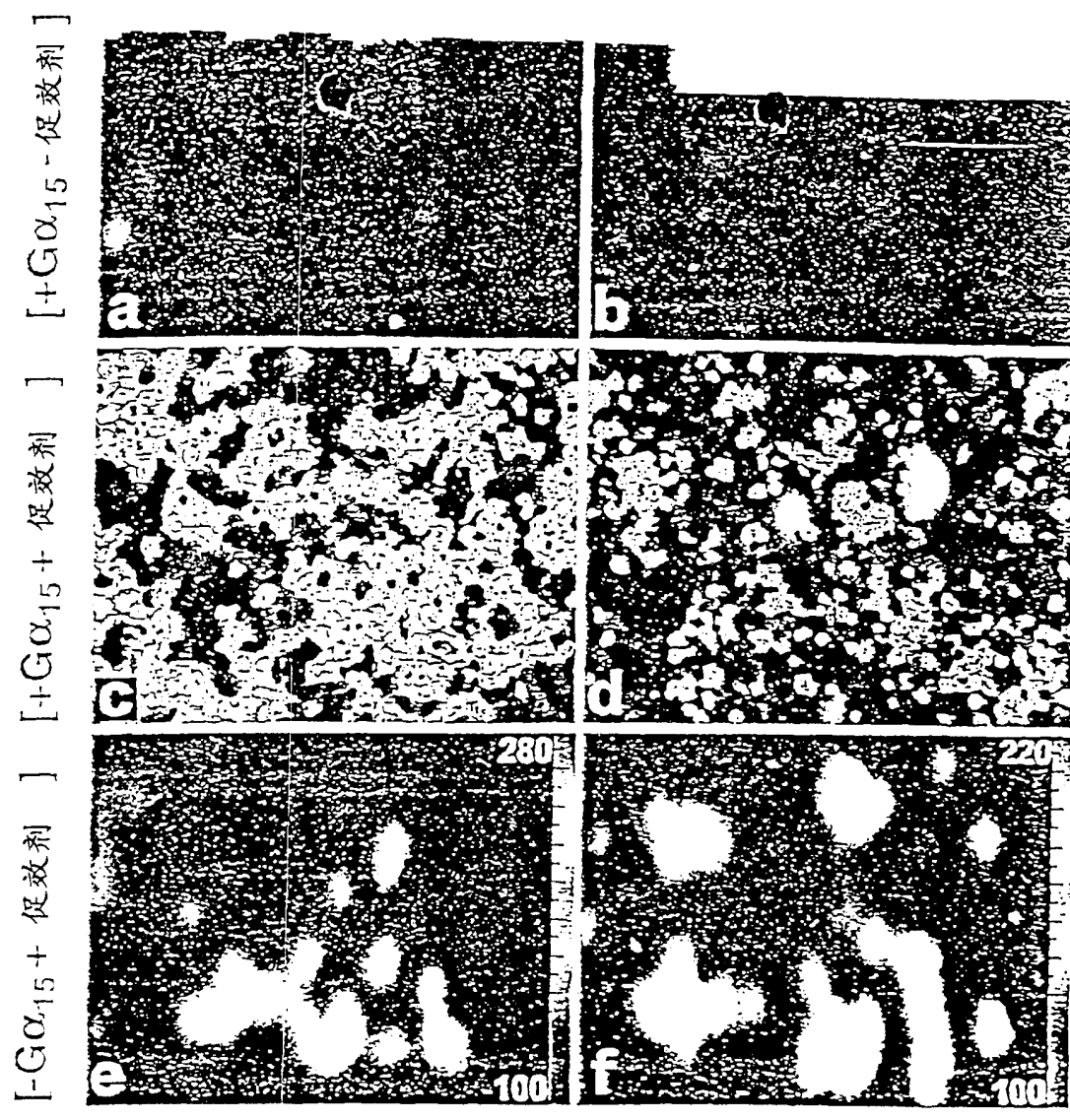
<222> (294)

<223> Xaa = Arg 或 Leu

<400> 172

Met Leu Ser Ala Ala Glu Gly Ile Leu Leu Ser Ile Ala Thr Val Glu
1 5 10 15
Ala Gly Leu Gly Val Leu Gly Asn Thr Phe Ile Ala Leu Val Asn Cys

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



图

1

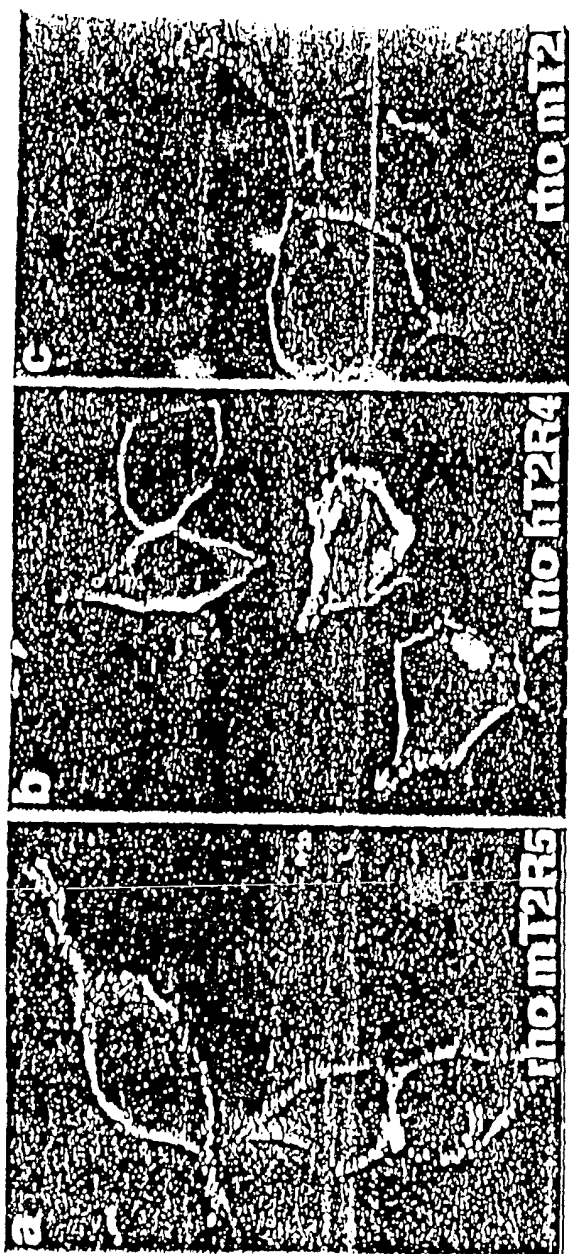


图 2

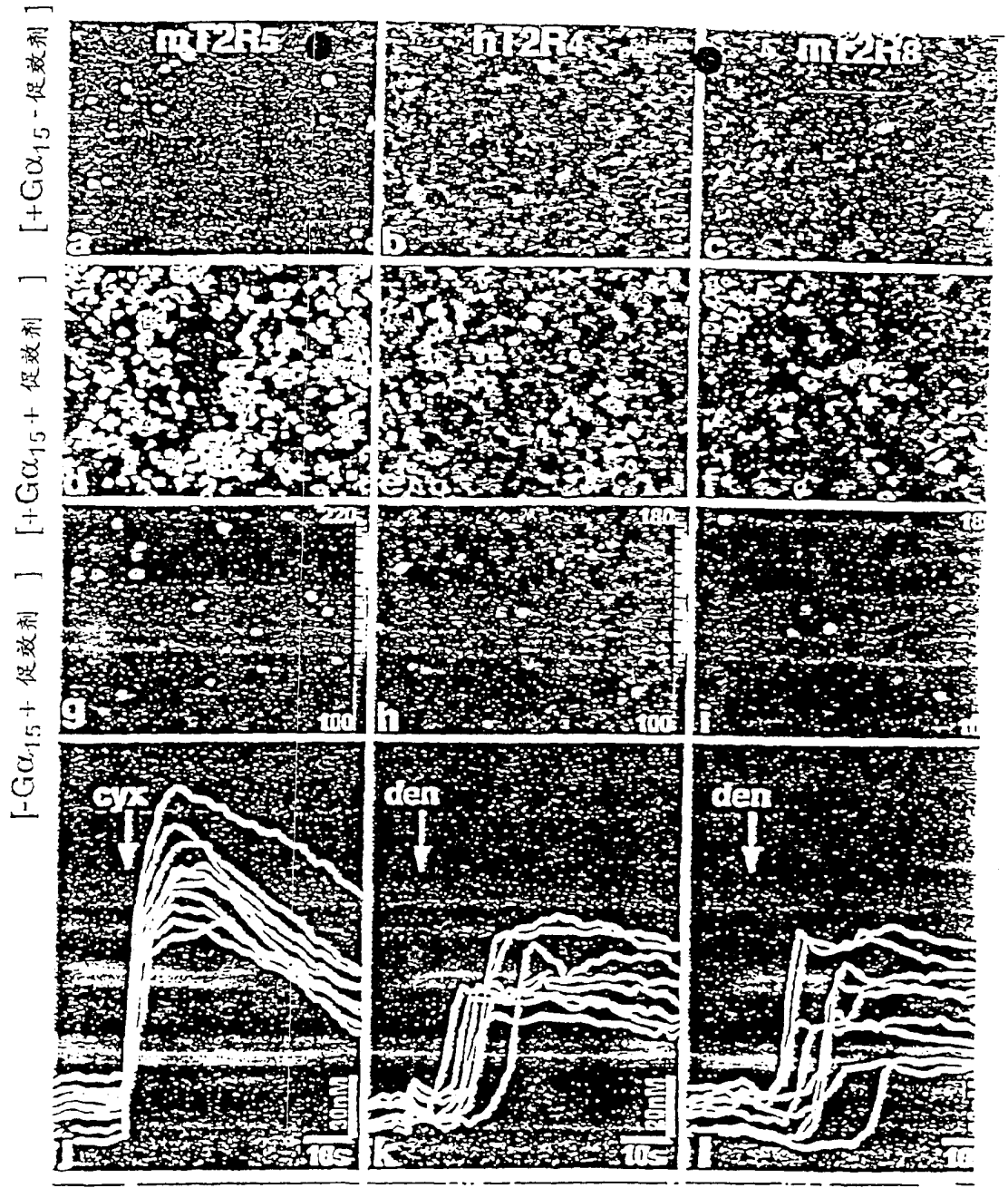


图 3

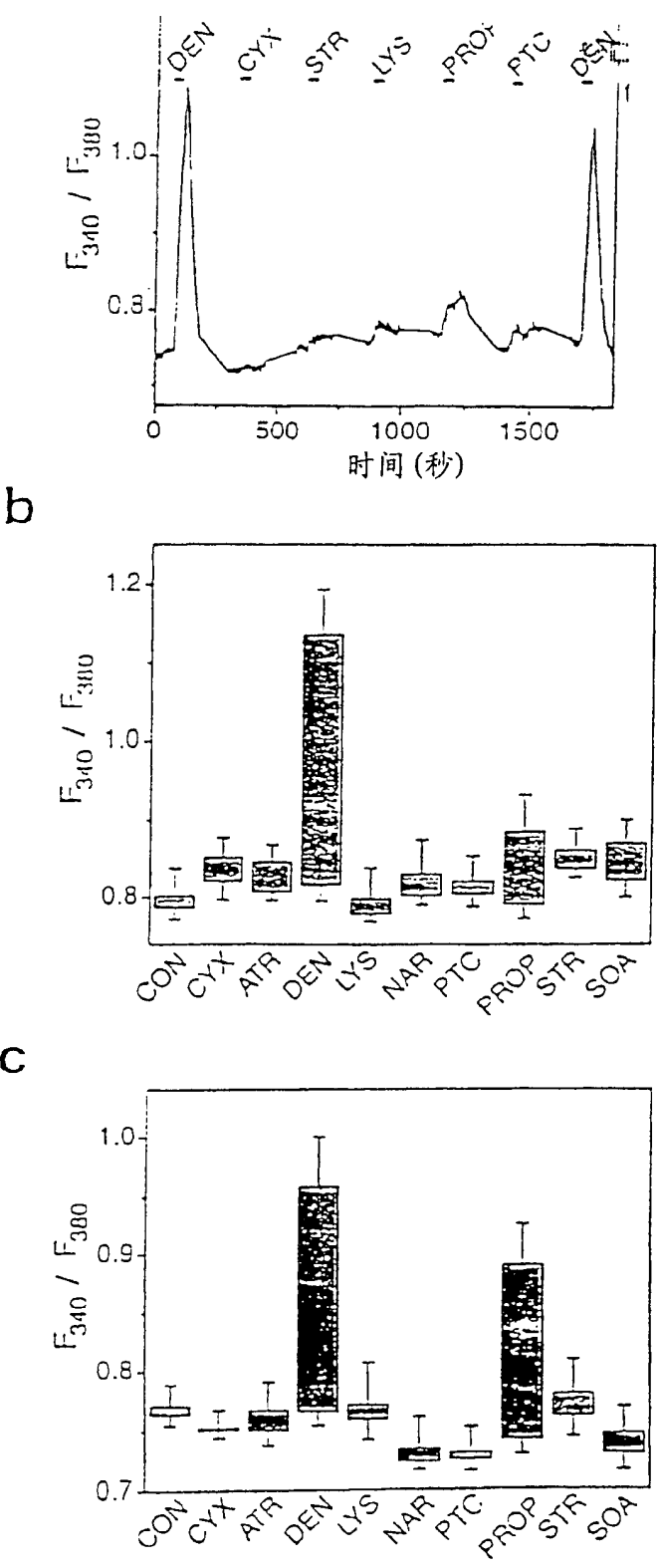


图 5

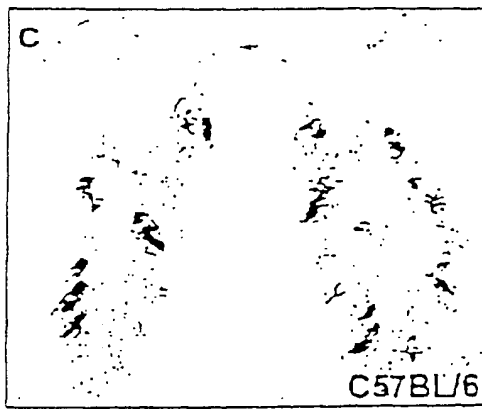
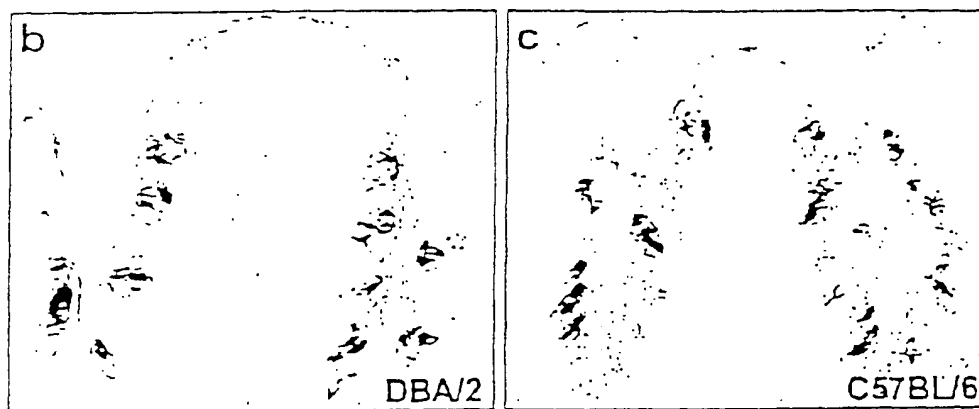
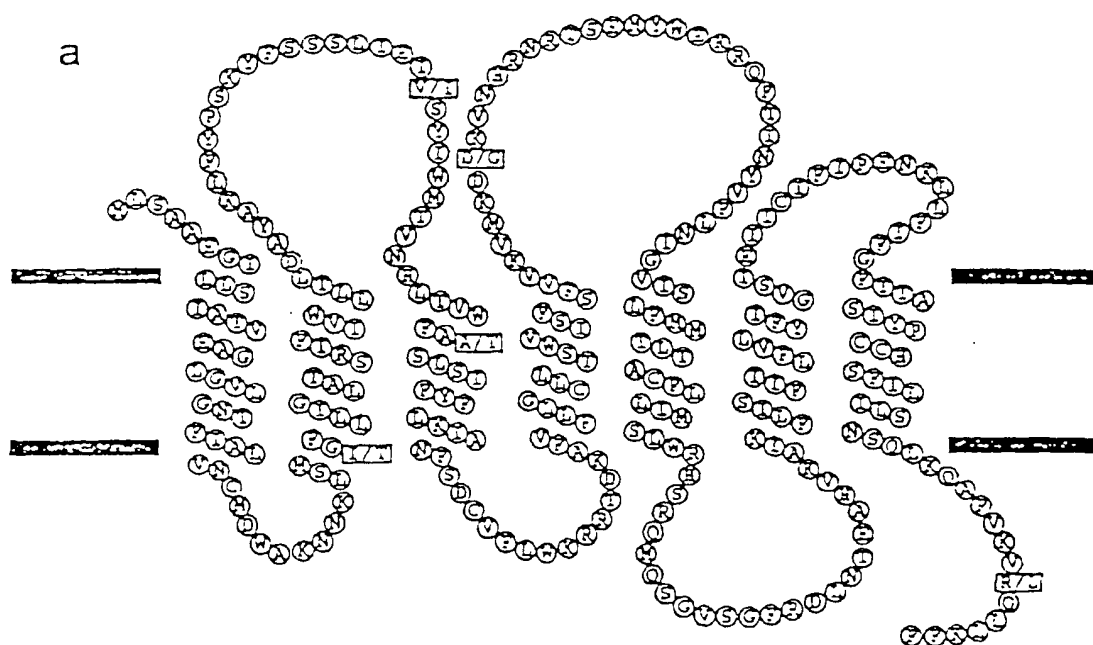
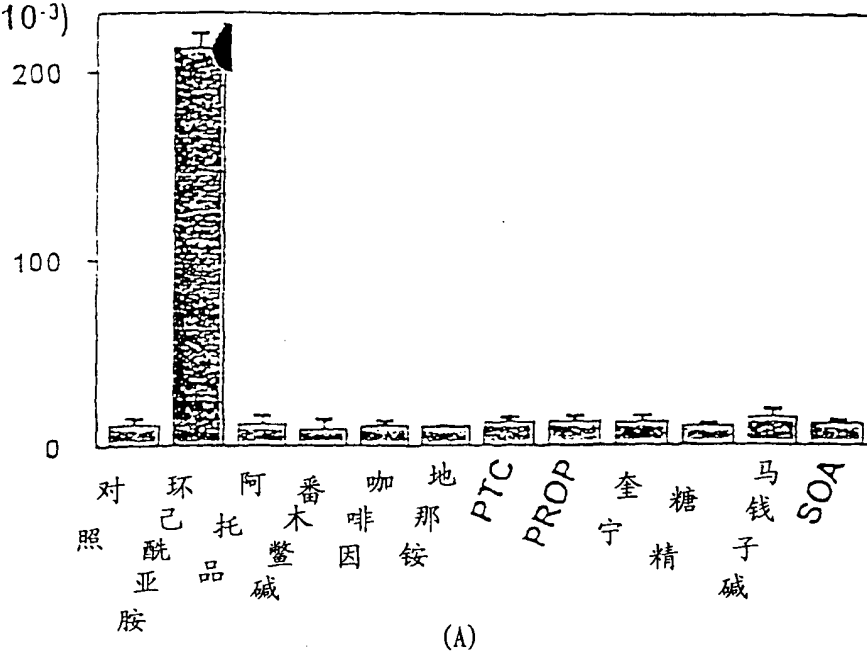


图 6

GTP γ -S 结合
(dpm $\times 10^{-3}$)



GTP γ -S 结合
(dpm $\times 10^{-3}$)

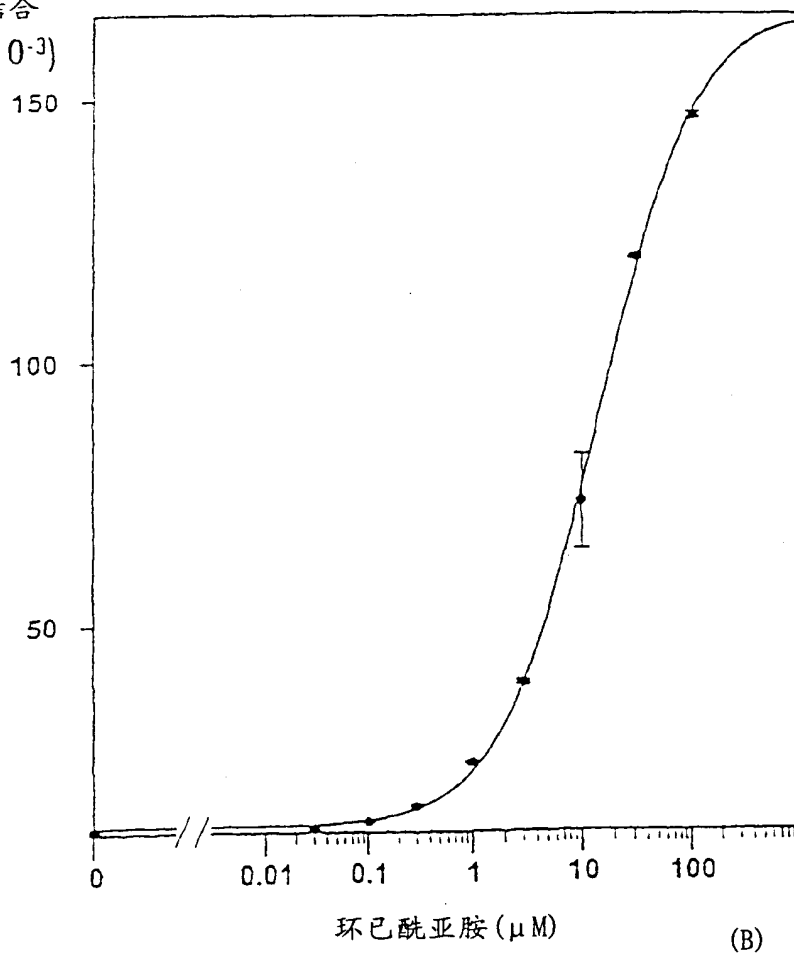


图 7

T2R ("GR") 家族

(hGR=人家族成员; mGR=小鼠家族成员; rGR=大鼠家族成员)

aa=氨基酸序列

nt=核苷酸序列

>hGR01 aa MLESHLIYFLLAVIQFLLGIFTNG IIVVNGIOLIKHRKMAPLDLLSCL LAVSRIFLQFIIFYVNVIVIFFIEF IMCSANCAILLFINELELWLATWLG VFYCAKVASVRHPLFIWLKMRISKL VPMWILGSLLYVSMICVFHSHKYAGF MVPYFLRKFFSQNATIQKEDTLAIQ IFSFVAEFSVPLLIFFLAVLLIFS LGRHTRQMRNTVAGSRVPGRGAPIS ALLSILSFLILYFSHCKIKVFLSSL KFHIRRFIFLFFILVIGIYPSGHS LILILGNPKLKQNAKXFLHLSKCCQ	>hGR01 nt ATGCTAGAGTCTCACCTCAATTATCTATTTCTCTTGCAGTGATACAAAT TCTTCTTGGGATTTTACAAATGGCATCATTTGGTGGTGAATGGCATTG ACTTGATCAAGCACAGAAAAATGGCTCCGCTGGATCTCCTCTTTCTTGT CTGGCAGTTCTTAGAATTTTCTGCASTTGTTCATCTTCTACGTTAATGT GATTGTTATCTTCTTCATAGAATTCATCATGTGTTCTGCGAATGTGCAA TTCTCTTATTTATAAATGAATGGAACTTTGGCTTGCACATGGCTCGGC GTTTCTATTGTGCCAAGGTTGCCAGCGTCCGTCACCCACTCTTCATCTG GTTGAAGATGAGGATATCCAAGCTGGTCCCATTGGATGATCCTGGGGTCTC TGCTATATGTATCTATGATTTGTGTTTCCATAGCAAAATGCGAGGGTTT ATGGTCCCATACTTCTTAAGGAAATTTTCTCCCAAAATGCCACAATTC AAAAGAAGATACACTGGCTATACAGATTTTCTCTTTGTTGCTGAGTTCT CAGTGCCATTGCTTATCTTCTCTTTTGTCTGTTTGTCTGATTTTCTCT CTGGGGAGGCACACCGGGCAAATGAGAAACACAGTGCCCGCAGCAGGGT TCCTGGCAGGGGTGCCACCCATCAGCGCGTTGCTGTCTATCTGTCTTCC TGATCCTCTACTTCTCCCACTGCATGATAAAAGTTTCTCTCTCTCTA AAGTTTACATCAGAAAGGTCATCTTCTGTTCTTCATCCTTGTGATG TATATACCTTCTGGACACTCTCTCATCTTAATTTAGGAAATCCTAAAT TGAAACAAAATGCAAAAAGTTCTCTCTCCACAGTAAGTGCTGTCAGTGA
>hGR02 aa MALSFSAILLHIIMMSAEFFTGITVN GFLIIVNCNELIKHRKLMFIQILLM CIGMSRFGQLQMVLMVQSEFFSVFFPL LYVKIYGAAMFLLWMTFFSSISLWF ATCLSVFYCLKISGFTQSCFLWLKF RIPKLIPLWFWEAFWPL*ALHLCVE VDYAKVEEDALRNTTLKKSXTKIK KISEVLLVNLALIFPLAIFVMCTSM LLISLYKHTRMQHSGSHGFRNANTE AHINALKTVITFFCFISYFAAFMT NMTFSLPYRSHQFEMKDIMAAYP GHSVILLSNSKFQQSFRILCLKK NL	>hGR02 nt ATGGCTTGTCTTTTTCAGTATTCTTCATATTATCATGATGTCAGCAGA ATTCTTACACAGGATCACAGTAAATGGATTCTTATCATTTGTTAACTGTA ATGAATTGATCAACATAGAAAGCTAATGCCAATCAAAATCCTCTTAATG TGCAATAGGGATGTCTAGATTGGTCTGCAGATGGTSTTAATGGTACAAAG TTTTTCTCTGIGTCTTCTTCCACTCCTTTACGTCAAAATAATTTATGGTG CAGCAATGATGTTCTTTGGATGTTTTTAGCTCTATCAGCCTATGGTTTT GCCACTTGCCTTTCTGTATTTACTGCCCTCAAGATTTCAGGCTTCACTCA GTCTGTTTTCTTGGTTGAAATTCAGGATCCCAAGTTAATACCTTGGC TGCTTCTGGGAAGCGTTCTGGCCTCTGTGAGCATTCATCTGTGTGCGA GGTAGATTAGGCTAAAAATGTGGAAGAGGATGCCCTCAGAAACACCACAC TAAAAAGAGTAAAAACAAGATAAAGAAATTAGTGAAGTGCTTCTTGTG AATTGGCATTAAATTTCTCTAGCCATATTGTGATGTGCACTTCTAT GTTACTCATCTCTCTTTACAAGCACACTCATCGGATGCAACATGGATCTC ATGGCTTTAGAAATGCCAACACAGAAGCCCATATAAATGCATTAAAAAC GTGATAACATCTTTTGCTTCTTTATTTCTTATTTGCTGCCCTTCATGAC AAATATGACATTTAATTTTACCTTACAGAAGTCACCAGTTCTTTATGCTGA AGGACATAATGCCAGCATATCCCTCTGGCCACTCGGTTATAAATAATCTTG AGTAATTTCTAAGTTCCAAACATCATTTAGAAGAAATCTCTGCCCTCAAAA CAACTATGA
>hGR03 aa MMGLTEGVFLILSGTQFTLGILVNC FIELVNGSSWFKTKRMSLSDFIITT LALLRIILLCIITDPSFLIEFSPNT KDSGIIIMQIEDVSWTFETNHLISWLA TCLGVLYCLKIASFSHPFTFLWLKWR VSRVMVMMLLGALLSCGSTASLIN EFKLYSVFERGIEATRNVTETFRKKR SEYYLIHVLGTLWYLPPLIVSLASY SLLIIFSLGRHTRQMLQNGTSSRDPT TEAHKRAIRIILSFFFLFLYFLAF LIASFGNLPKTKMAKMIGEVMTMF YPAGHSFILILGNSKLKQTFVVMRL CESGHLKPGSKGPIFS	>hGR03 nt ATGATGGGACTCACCGAGGGGGTGTCTCTGATTCTGTCTGCCACTCAGTT CACACTGGGAATCTGGTCAATTTGTTTCATTGAGTTGGTCAATGGTAGCA GCTGGTTCAAGACCAAGAGAAATGTCTTTGTCTGACTTCATCATCACCACC CTGGCACTCTTGAGGATCATTTCTGCTGTGATTATCTTGACTGATAGTTT TTTAATAGAATTTCTCTCCAACACACATGATTCAAGGATATAAATGCAA TTATTGATGTTTCTGGACATTTACAAACCATCTGAGCATTTGGCTTGGC ACCTGTCTTGGTGTCTCTACTGCTGAAAATCGCCAGTTTCTCTCACCC CACATTCTCTGGCTCAAGTGGAGAGTTTCTAGGGTGATGGTATGGATGC TGTTGGGTGCACTGCTCTTATCCTGTGGTAGTACCGCATCTCTGATCAAT GAGTTTAAGCTCTATTCTGTCTTTAGGGGAATTGAGGCCACCAGGAATGT GACTGAACACTTCAGAAAGAAAGAGGAGTGAGTATTATCTGATCCATGTTT TTGGGACTCTGTGGTACCTGCTCCCTTAATTTGTCTCTCTGGCTCTCTAC TCTTTGCTCATCTTCTCCCTGGGGAGGCACACAGGCAGATGCTGCAAAA TGGGACAAGCTCCAGAGATCCPACCACTGAGGCCCAAGAGGGCCATCA GAATCATCTTCTCTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT TTAATTGCATCATTTGGAATTTCTCTACCAAAAACCAAGATGGCTAAGAT

	GATTGGCGAAGTAATGACAATGTTTTATCTGGCCACTCATTATTC TCAITCTGGGGAACAGTAAGCTGAAGCAGACATTTGTAGTGATGCTCGG TGTGAGTCTGGTCATCTGAAGCCTGGATCCAAGGGACCCATTCTCTTA G
>hGR04 aa MLRLFYFSAIIASVILNFVGIIMNL FITVFNCKTWKSHRISSSDRIIFS LGITRFLMLGLFLVNTIYFVSSNTE RSVYLSAFFVLFCFMDSSSVWFVT LLNILYCVKITNFQHSVFLLLKRN SPKIPRLLLACVLISAFITCLYITL SQASPFPELVITRNNTSFNISEGIL SLVVSLLVSSSLQFIINVTASLLI HSLRRHIQKMQKNATGFWNPQTEAH VGMKLMVYFLILYIPYSVATLVQY LPFYAGMDMGTKSICLIFATLYSPG HSQLIIITHPKLKTAKKILCFKK	>hGR04 nt ATGCTTCGGTTATTCTATTTCTCTGCTATTATTGCCTCAGTTATTTTAAA TTTTGTAGGAATCATTATGAATCTGTTTATTACAGTGGTCAATTGCAAAA CTTGGGTCAAAAAGCCATAGAATCTCCTCTTCTGATAGGATTCTGTTTCAGC CTGGGCATCACCAGGTTTCTTATGCTGGGACTATTTCTGGTGAACACCAT CTACTTCGTCTCTTCAAATACGGAAAGGTCACTCTACCTGTCTGCTTTT TTGTGTTGTGTTTCATGTTTTGGACTCGAGCAGTGTCTGGTTTGTGACC TTGCTCAATATCTTGTACTGTGTGAAGATTACTAATCCCAACACTCAGT GTTCTCCTGCTGAAGCGGAATATCTCCCCAAGATCCCCAGGCTGCTGC TGGCCTGTGTGCTGATTCTGCTTTCACCACTTGCCTGTACATCAGCTT AGCCAGGCATCACCTTTTCTGAACTTGTGACTACGAGAAATAACACATC ATTAAATACAGTGAGGGCATCTTGTCTTTAGTGGTTTCTTGGTCTGA GCTCATCTCTCCAGTTCATCATTAAATGTGACTTCTGCTTCTTGTCTAATA CACTCCTTGAGGAGACATATACAGAAAGTGCAGAAAAATGCCACTGGTTT CTGGAATCCCCAGACGGAAGCTCATGTAGGTGCTATGAAGCTGATGGTCT ATTTCTCATCTCTACATTCCATATTCACTTGCCTACCTGGTCCAGTAT CTCCCCTTTTATCGAGGATGGATATGGGGACCAATCCATTGTCTGAT TTTTGCCACCTTTTACTCTCCAGGACATTCTGTTCTCATTATATCACAC ATCTAAACTGAAAACACAGCAAGAAGATCTTTGTTTCAAAAAATAG
>hGR05 aa MLSAGLGLMLVAVVEFLIGLIGNG SLVWVSFWERKFNWSSYNLIILG LAGCRFLQLWLTILDLSLPLFQSS RWLRYLSIFVVLVSQASLWFAFLS VFYCKKITTFDRPAYLWLKQRAYNL SLWCLLGYFIINLLTVQIGLTFYH PPQGNSSIRYPFESWQYLYAFQLNS GSYLPLVVFVSSGMLIVSLYTHHK KMKVHSAGRRDVRKAHITALKSLG CFLLHLVYIMASPFISITSKTYPPD LTSVFIWETLMRAYPSLHSLILIMG IPRVNQTQCKILWKTVCARRCWG?	>hGR05 nt ATGCTGAGCGCTGGCCTAGGACTGCTGATGCTGCTGGCAGTGGTTGAATT TCTCATCGGTTTAAATGGAAATGGAAGCCTGGTGGTCTGGAGTTTATAGAG AATGGATCAGAAAAATCAACTGGTCTCATATAACCTCATATCTCTGGGC CTGGCTGGCTGCCGATTTCTCCTGCACTGGCTGATCATTTTGGACTTAAG CTGTTTCCACTTTTCCAGAGCAGCGTGGCTTCTGCTATCTTAGTATCT TCTGGGTCTGGTAAGCCAGGCCAGCTTATGGTTTGGCCACCTTCTCTCAGT GTCTTCTATTGCAAGAAGATCAGCACTTCTGATCGCCGGCTACTTGTG GCTGAAGCAGAGGGCCATATAACCTGAGTCTCTGCTGCTTCTGGGTACT TTATAATCAATTGTGTTACTTACAGTCCAAATGGGCTAACATCTATCAT CCTCCCCAAGGAACAGCAGCATTGGGTATCCCTTTGAAAGCTGGCAGTA CCTGTATGCAATTCAGCTCAATTGAGGAAGTTATTGGCTTATGTTGGTGT TTCTTGTTTCTCTGGGATGCTGATTGTCTCTTTGTATACACACCACAAG AAGATGAAGGTCCATTGAGCTGGTAGGAGGATGTCCGGGCCAAGGCTCA CATCACTGCGCTGAAGTCTTGGGCTGCTTCTCTTACTTCACTGGTGT ATATCATGGCCAGCCCTTCTCCATCACCTCCAAGACTTATCTCTGAT CTCACCAGTGTCTTCTCTGGGAGACACTCATGGCAGCCTATCCTTCTCT TCATTCTCTCATATTGATCATGGGGATTCTAGGGTGAAGCAGACTTGTG AGAAGATCCTGTGGAAGACAGTGTGTCTCGGAGATGCTGGGGCCCATGA
>hGR06 aa MLAAALGLLMPIAGAEFLIGLVNG VPVVCSEFGWVKKM*GVPIINSHDSG K*PLSPQTQADHVGHKSVSTFPEQWL ALLS*CLRVLVSQANM*FATFFSGF CCMEIMTFVXXXXXXXXXXXXXXXXXX XXXXLLVSFKITFYFSALVGWTL*K PLTGNSNILHPILNLLFL*IAVQ*R RLIAICDVSPLVFL*RHRKMEHD TAVRRRLKPRXXXXXXXXXXXXXXXXXX LYMVSALARHFSMTF*SPSOLTILA ISATLMAVYTSFSPSIVMVRNQTQ RIL*EMICTWKS	>hGR06 nt ATGTTGGCGGCTGCCCTAGGATTGCTGATGCCCATTCAGGGGCTGAATT TCTCATTGGCCTGGTTGGAAATGGAGTCCCTGTGGTCTGCAGTTTATAGAG GATGGGTCAAAAAATGTAAGGAGTCCCTATAAATTCTCATGATTCTGGT AAGTAGCCACTTTCTCCTACTCAGGCCGATCATGTTGGACATAAGTCTGT TTCCACTTTCCAGAGCAGTGGTTGGCTTTACTATCTTAATGTCTTCGAG TCCTGGTAAGCCAGGCCAACATGTAGTTTGGCACTTTCTTCAGTGGCTTC TGCTGCATGGAGATCATGACCTTTGTCCCGTGACTTCTGTAGCTGA AGACTGGGTTTTTTGTTTTTGTAGTGTCTTCAAGATCACTTTTTATT CTCAGCTCTTGTGGCTGGACCTTTAAAAACCTTAACAGGAACAGCA ACATCCTGCATCCCATTTAAATCTGTTATTTTATAGATTGCTGTCCAG TGAAGGAGACTGATTGCTATTGTGATGTTTCTGTCCACTTGTCTTTT GTAAAGACATCACAGGAAGATGGAGGACCACACAGCTGTGAGGAGAGGC TCAAACCAAGGTGCTCATCGCTCTGAACCTTCCCCCTTTACATGTTTCTG CCTTGGCCAGACACTTTTCCATGACCTTCTAATCTCCCTCTGATCTCACC ATTCTTGCCATCTCTGCAACACTCATGGCTGTTTATACTTCAATTCCTG TATTGTAATGTTTATGAGGAATCAGACTTGTGAGAGAATTCTGTAGGAGA TGATATGTACATGGAAATCCTAG
>hGR07 aa MADKVQTTLLFLAVGEFSVGILGNA	>hGR07 nt ATGGCAGATAAAGTCCAGACTACTTTATTGTTCTTAGCAGTTGGAGAGTT TTCAGTGGGGATCTTAGGGAATGCATTCAATTGGATTGGTAAACTGCATGG

FIGLVNOMDWVKKRKA...LILTS LAISRICLLCVILLDCFILVLYPOV YATGKEMRIIDFFWTLTNHLSIWFA TCLSTYYFFKIGNFFHPLFLWMKWR IDRVISWILLGCVVLSVFISLPATE NLNADFRFCVKAKRKTNLTWSCRVN KTQHASTKLFNLATLLPFCVCLMS FFLILSLRRHIRMQLSATGCRDP STEAHVRALKAVISFLLLFIAVYLS FLIATSSYFMPETELAVIFGESIAL IYPSHSHFILILGNKLRHASLKV WKVMSILKGRKFQKHQKI	ACTGGGTCAGAAGAGGAAATTTGCCCTCC...ATTTAATCCTCAGCAGT CTGGCCATATCCAGAATTTTCTATTGTGCT...ATACTATTAGATTGTTT TATATTGGTGCTATATCCAGATGTCTATGCCACTGGTAAAGAAATGAGAA TCATTGACTTCTTCTGGACACTAACCAATCATTAAATCTGTTGGCA ACCTGCCCTCAGCATTTACTATTTCTTCAAGATAGGTAATTTCTTCCACC ACTTTTCTCTGGATGAAGTGGAGAATTGACAGGGTGATTCTCTGGATTG TACTGGGCTGCGTGGTTCTCTCTGTGTTTATTAGCCTTCCAGCCACTGAG AATTTGAACGCTGATTTTCAGGTTTTGTGTGAAGGCAAGAGGAAACAAA CTTAACCTGGAGTTGCAGAGTAAATAAACTCAACATGCTTCTACCAAGT TATTTCTCAACCTGGCAACGCTGCTCCCTTTTGTGTGTGCTTATGTCC TTTTCTCTTGTATCCTCTCCCTGCGGAGACATATCAGGCCAATGCAGCT CAGTGCCACAGGGTGCAGAGACCCAGCACAGAAGCCATGTGAGAGCCC TGAAAGCTGTCAATTTCTTCTCTCTCTTTATTGCCTACTATTGTGCC TTTCTCATTGCCACCTCCAGCTACTTTATGCCAGAGACGGAATTAGCTGT GATTTTGGTGAGTCCATAGCTCTAATCTACCCCTCAAGTCATTATTATA TCTTAATCTGGGGAACAATAAATTAAGACATGCATCTCTAAAGGTGATT TGGAAAGTAATGTCTATTCTAAAAGGAAGAAAATTCACCAACATAAACA AATCTGA
>nGR08 aa MFSPADNIFIILITGEFILGILGNG YIALVNWIDWIKKKKISTVDYILTN LVIAIRICLISVMVNGIVIVLNPV YTKNKQQIVIFTFTFANYLNMWIT TCLNVFYFLKIASSSHPLFLWLKWK IDMVVHWILLGCFALISLLVSLIAAI VLSODYRFHAIKXKRNITEMFHV KIPYFEPLTLFNLFAIVPFIIVSLIS FFLLVRSLSWRHTKQIKLYATGSRDP STEHVHRAIKTMTSFIFFFLYVIS SILMTFSYLMTKYKLAVEFGEIAAI LYPLGHSLILIVLNNKLRQTFRML TCKRIACMI	>nGR08 nt ATGTTCACTGCTCCAGATAACATCTTTATAATCCTAATAACTGGAGAATT CATACTAGGAATATTGGGGAATGGATACATTGCCTAGTCAACTGGATTG ACTGGATTAAGAAGAAAAAGATTTCCACAGTTGACTACATCCTTACCAAT TTAGTTATCGCCAGAAATTTGTTTGATCAGTGTAATGGTTGTAATGGCAT TGTAATAGTACTGAACCCAGATGTTTATACAAAAATAAACCAACAGATAG TCATTTTACCTTCTGGACATTTGCCAACTACTTAAATATGTGGATTACC ACCTGCCCTAATGTCTTCTATTCTCTGAAGATAGCCAGTCTCTCTCATCC ACTTTTCTCTGGCTGAAGTGGAAAATTGATATGGTGGTGCCTGGATCC TGCTGGGATGCTTTGCCATTTCTTGTGTGGTGCAGCCTTATAGCAGCAATA GTACTGAGTTGTGATTATAGGTTTCATGCAATTGCCAAACATAAAAGAAA CATTACTGAAATGTTCCATGTGAGTAAAAATACCATACTTTGAACCCCTTGA CTCTCTTTAACCTGTTTGCATTTGCCATTATTGTGTGCTGATATCA TTTTTCTTTAGTAAGATCTTTATGGAGACATACCAAGCAAAATAAACT CTATGCTACCGGCAGTAGAGACCCAGCACAGAAGTTCTATGTGAGAGCCA TTAAACTATGACTTCATTATCTTCTTTTTTCTCTATCTATATTCTCT TCTATTTTGATGACCTTTAGCTATCTTATGACAAAATACAAGTTAGCTGT GGAGTTTGGAGAGATTGCAGCAATTTCTCTACCCCTTGGGTCACTCACTTA TTTTAATGTGTTTAAATAATAAACTGAGGCAGACATTTGTCAGAAATGCTG ACATGTAGAAAAATTTGCCCTGCATGATATGA
>nGR09 aa MPSAIEAIYIILIAGELTIGINGNG FIVLVNIDWLKRRDISLIDILIS LAISRICLLCVISLOGFFMLLPFGT YGNISVLVSIVNVVWTFANNSSSLWFT SCLSIFFYLLKIANISHPPFFWLK INKVMLAILLGSFLISLIISVPKND DMWYHLFKVSHSEENITWKFVSKI GTFKQLTLNLGVMPFILCLISFFL LLFSLVRHTKQIRLHATGFRDPSTE ARMRAIKAVIIFLLLLIVYYPVFLV MTSSALIPQGLVLMIGDIVTVIFP SSSHFILIMGNSKLRFAFLKMLRFV KCFLRBRKPFVP	>nGR09 nt ATGCCAAGTGCAATAGAGGCAATATATATTATTTAATTGCTGGTGAATT GACCATAGGGATTTGGGGAATGGATTCACTGTACTAGTTAACTGCATTG ACTGGCTCAAAAGAGAGATATTCTCTGATTGACATCATCTGATCAGC TTGGCCATCTCCAGATCTGTCTGCTGTGTGTAATATCATTAGATGGCTT CTTTATGCTGCTCTTTCCAGGTACATATGGCAATAGCGTGTCTAGTAAGCA TTGTGAATGTTGTCTGGACATTTGCCAATAATTCAAGTCTCTGTTTACT TCTTGCCCTCAGTATCTTCTATTACTCAAGATAGCCAATATATCGCACCC ATTTTTCTTCTGGCTGAAGCTAAAGATCAACAAGGTCACTGCTTGGATTC TTCTGGGGTCTTTCTTATCTCTTTAATTATTAGTGTTCAGAAAGATGAT GATATGTGGTATCACCTTTTCAAGTCAGTCATGAAGAAAACATTACTTG GAAATTCAAAGTGAGTAAATTTCCAGGTACTTTCAAACAGTTAAACCTGA ACCTGGGGGTGATGTTCCCTTTATCCTTTGCCCTGATCTCAATTTCTTG TTACTTTTCTCCCTAGTTAGACACACCAAGCAGATTGCACTGCATGCTAC AGGGTTCAGAGACCCAGTACAGAGGCCACATGAGGGCCATAAAGGCAG TGATCATCTTTCTGCTCCTCCTCATCGTGTACTACCCAGTCTTTCTGTT ATGACCTCTAGCGCTCTGATTCTCAGGGGAAAATTAGTGTGATGATTGG TGACATAGTAAGTGTCAATTTCCCATCAAGCCATTCACTTCTAATTA TGGGAAATAGCAAGTTGAGGGAAGCTTTTCTGAAGATGTTAAGATTGTG AAGTGTCTCTTAGAAGAAGAAAGCCTTTTGTTCATAG
>nGR10 aa MLRVVEGIFIVVVSSESVFVGLNG FIGLVNIDCAKNKLSITGFIITGL AISRIFLIWIITDGFQIFSPNIY	>nGR10 nt ATGCTACGTGTAGTGGAAAGCATCTTCATTTTGTGTAGTTAGTGAGTC AGTGTTTGGGGTTTTGGGGAATGGATTATTGGACTGTAAACTGCATTG ACTGTGCCAAGAATAAGTTATCTACGATTGGCTTTATTTCTACCCGGCTTA GCTATTTCAAGAATTTTCTGATATGGATAATAATTACAGATGGATTAT

ASGNLIEYISYFWVISSMWFAT SLSIFFFLKIANFENYIFLWLKSR NMVLPFMIVFLLISSLLNFAYIAKI LNDYKTKNDTVWDLNMYKSEYFIKQ ILLNLGVIFFTLSLITCIFIILISL WRHNRQMOSNVTGLRDSNTEAHVKA MKVLISFIIILFIFYFIGMAIEISCF TVRENKLLLMFGMTTITAIYPWGHST ILILGNSKLKQASLRVLQQLKCCCK RKNLRVT	ACAGATATTCTCTCCAAATATATATGCC TTAGTTACTTTTGGGTAATTGGTAATCA AGCCTCAGCATCTTCTATTTCTGAAGATAGCAAAATTTTCCAACTACAT ATTTCTCTGGTTGAAGAGCAGAACAAATATGGTTCTTCCCTTCATGATAG TATCTTACTTATTTTCATCGTTACTTAATTTTGACATACATTGCGAAGATT CTTAATGATTATAAAACGAAGAATGACACAGTCTGGGATCTCAACATGTA TAAAGTGAATACTTTATTAACAGATTGCTAAATCTGGGAGTCATT TCTTCTTACACTATCCCTAATTACATGATTTTTTAAATCAATTCCTT TGGAGACACAACAGGCAGATGCAATCGAATGTGACAGGATTGAGAGACTC CAACACAGAAGCTCATGTGAAGGCAATGAAATTTTGATATCTTTCATCA TCCTCTTTATCTTGTATTTTATAGGCATGGCCATAGAAATATCATGTTT ACTGTGCGAGAAAAACAACTGCTGCTTATGTTTGGAAATGACAAACCACAGC CATCTATCCCTGGGCTCACTCATTTATCTTAATTTAGGAAACAGCAAGC TAAAGCAAGCCTCTTTGAGGGTACTGCAGCAATTGAAAGTCTGTGAGAAA AGGAAAAATCTCAGAGTCACATAG
>hGR11 aa MANMLKNMLTMISAIIDFIMGIQSR VMVLVHCIDWIRRWKLSLIDFILTC WAISRIFXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX XXXXXXXXXXXXXXXXXNHLCT*FATCL AVFYFLKIVNFSYLFYFWLKWINK VAFILPLVSAFVSQYQLSFDVHF*CL LVSCPCKYERHMTGLLNVSNNKNVN NIIIFFIGSLSSFSISSIFLLLLL SS*RHMKHIRFNFRDCTRTPVYGPIS EPRKRFSFFVLLLYKNLPFS	
>hGR12 aa MSSIWETLFIRILVV*FIMGTVGN* FIVLVNIID*IRN*KVSLIDFILNC LAISRICFL*ITILATSFNIGYEKM PDSKNLAVSFIDILWTGSSYFCLSC TCLSVFYFLKIVNFSNPIFLWMKW IHKVLLFIVLEATISFCTTSILKEI IINSLI*ERVITKGNLTFNYMDTMH DFTSLFLLQMFILPFFVETLASILL LILSLWSHTRQMKLHGIYSRDPSTE AHVKPIKAIISFLLFIVHYFISII LTLACPLLDFAARTFSSVLVFFHP SGHSFLLILRDSKLKQASLCVLKQM KYAKKDIISHFYKHA	>hGR12 nt ATGTCAAGCACTTTGGGAGACACTGTTTATAAGATTCTTGTAGTGAATT CATAATGGGACTGTGGGAAATGATTTCATTGTATTGGTAAATATCATTC ACTGAATCAGGAAGTGAAGGCTCTCCCTGATTGATTTTATTCTCAACTGC TTGGCCATCTCCAGGATATGTTTCTCTAGATAACAATTTTAGCTACCTC TTTCAATATAGGCTATGAGAAATGCTGATTCTTAAGAACTTGCAGATAA GTTTTGACATTCTCTGGACAGGATCCAGCTATTTCTGCTGTCTGTACC ACTTGCCCTCAGTGTCTTCTATTTCTCAAGGTAGCCAACTTCTCCAATCC CATTTTCTCTGGATGAATGGAAATTCACAAGGTGCTTCTCTTTATTG TACTAGAGGCAACGATCTCTTTCTGCACAACTTCCATTCTGAAGGAAATA ATAATTAATAGTTTAACTTAAGAACGGGTAAACATAAAAGGCAACTTGAC ATTTAATATATGGATACCATGATGATTTCATTCTCTGTTTCTCTCTTC AGATGATGTTTCTCTCTCTCTTTTGTGGAAACACTGGCTTCCATTCTCTC TTAATCTCTCTCTTATGGAGCCACACAGGCAGATGAAGCTACATGGTAT TTATTCAGGGATCCAGCACAGAAGCCCATGTAACCTATAAAAGCTA TAATTTCAATTTCTACTCTCTTTATTGTGCATTATTTTCATCAGTATCATA CTAACATTGGCTGTCTCTCTCTAGACTTCGTTSCGGCAAGGACTTTTAG TAGTGTGCTGGTATTTTCCATCCATCTGGCCATTCAATTTCTTAATTT TACGGGACAGCAAACTGAAGCAAGCTTCTCTCTGTCTCTGAAGAAGATG AAGTATGCCAAAAAGGACATAATCTCTCATTTTATAAAGCATGCCCTGA
>hGR13 aa MESALPSIFTLVIIAEFIIGNLSNG FIVLINCIDWVSKRELSSVDKLLII LAISRIGLIWEILVSWFLALHYLAI FVSGTGLRIMIFSWIVSNHFNWLAI TIFSIFFYLLKIASFSSPAFLYLKWR VNVVILMILLGLTLVFLFNLIQINM HIKDWLDRYERNNTWNFSMSDFET SVSVKFTMTMFSLTPTTVAFISFLL LIFSLQKHLQKMLNYKGHRDPRTK VHTNALKIVISFLLFYASFLLCVLI SWISELYQNTVIYMLCETIGVFSFS	>hGR13 nt ATGGAAAGTGCCCTGCCGAGTATCTTCACTCTTGTAAATAATTGCAGAATT CATAATTGGGAATTTGAGCAATGGATTATAGTACTGATCAACTGCATTG ACTGGGTCAGTAAAGAGAGCTGTCTCAGTCGATAAACTCCTCATTATC TTGGCAATCTCCAGAATTGGGCTGATCTGGGAAATATTAGTAAGTTGGTT TTTAGCTCTGCATTATCTAGCCATATTTGTGTCTGGAACAGGATTAAGAA TTATGATTTTATAGCTGGATAGTTTCTAATCACTTCAATCTCTGGCTTGCT ACAACTCTCAGCATCTTTTATTTGCTCAAAATAGCGAGTTTCTCTAGCCG TGCTTTCTCTATTTTGAAGTGGAGASTAAACAAAGTGATTCTGATGATAC TGCTAGGAACCTTGGTCTCTTATTTTAAATCTGATACAAATAAACATG CATATAAAAGACTGGCTGGACCGATATGAAAGAAACACAACCTTGGAAATT CAGTATGAGTGACTTTGAACATTTTCAGTGTGGTCAAAATTCACATGTA CTATGTTCACTCTAACACCATTTACTGTGGCCTTCATCTCTTTTCTCTCT

SHSFLILGNKLRQLEVAARKVW AKR	TTAATTTTCTCCCTGCCAGAACATCTCTTAAATSCAACTCAATTACAA AGGACACAGAGACCCAGGACCAAGGTCCTACAAATGCCCTTGAAATTTG TGATCTCATTCTCTTTATCTATGCTAGTTCTTCTATGTGTTCTCATA TCATGGATTTCTGAGCTGTATCAGAACACAGTGTATCTACATGCTTTGTGA GACGATTGGAGTCTTCTCTCTTCAAGCCACTCCTTTCTCTGATTCTAG GAAACGCTAASTTAAGACAGGCTCTTCTTTTGGTGGCAGCTAAGGTATGG GCTAAACCATGA
>nGR14 aa MGGVKSIFTFVLIVFIIIGNLGNS FIALVNCIDWVKGRKISSVDRLTA LAISRISLVWLIFGSWCVSVFFPAL FATEKMFRLTNIWTVINHFVWLA TGLGTFYFLKIANFNSIFLYLKWR VKKVVLVLLLVTSVFLFLNIALINI HINASINGYRRNKTCSOSSNFTRF SSLIVLTSTVFIIFPFLSLAMFLL LIFSMMKRRKMQHTVKISGDASTK AHRGVKSVITFELLYAIFSLFFIS VWTSEALEENLIILSQVMGMAYPSC HSCVLLILGNKKLRQASLSVLLWLR YMFKDGEPSGNKEFRESE	>nGR14 nt ATGGGTGGTGTACATAAAGAGCATATTTACATTGGTTTTAATGTGGAAAT TATAATTGGAAATTTAGGAAATAGTTTCATAGCACTGGTGAACGTGATTG ACTGGGTCAAGGGAAGAAAGATCTCTTGGTGTGATGGGATCCTCACTGCT TTGGCAATCTCTCGAATTAGCCTGGTTTGGTTAATATCGGAAGCTGGTG TGTGTCTGTGTTTTTCCAGCTTTATTTGCCACTGAAAAATGTTCCAGAA TGCTTACTAATATCTGGACAGTGATCAATCATTTTATGTGTCTGGTGTAGCT ACAGGCTCTGGTACTTTTTATTTCTCAAGATAGCCAAATTTTCTAAGT TATTTTCTCTTACCTAAAGTGAGGGTTAAAAAGGTGGTTTTGGTCTGCTG TTCTTGTGACTTGGTCTTCTTGTTTTTAAATATTGCACTGATAAACATC CATATAAATGCCAGTATCAATGGATACAGAAAGAACAGAGCTTGGAGTTT TGATTCAAGTAACCTTTACACGATTTTCCAGTCTTATTGTATTAAACAGCA CTGTGTTCTCTTCTCATACCTTTACTTTGTCTCCCTGGCAATGTTCTCTCT CTCATCTTCTCCATGTGGAAACATCGCAAGAAGATGCAGCACACTGTCAA AATATCCGGAGACGCCAGCACCAAGGCCACAGAGGAGTTAAAGTGTGA TCACTTTCTTCTACTCTATGCCATTTCTCTCTGCTTTTTTCATATCA GTTTGGACCTCTGAAAGGTTGGAGGAAATCTAATTATTCTTTCCAGGT GATGGGAATGGCTTATCCTTCATGTCACTCATGTGTTCTGATTCTTGGAA ACAAGAAGCTGAGACAGGCTCTCTGTCAAGTGTCTGTGGCTGAGGTAC ATGTTCAAAGATGGGAGCCCTCAGGTACAAAGAAATTTAGAGAAATCATC TTGA
>nGR15 aa MITFLPIIFSILVVVTFVLGNFANG FIVLVNSIEWVKRQKISFADQILTA LAVSRVGLLWVILLHWYATVLNPGS YSLGVRITINAWAVTNHFSIWVAT KLSIFPYFLKIANFNSIFLHLKRR ISVIVPVLILGSLFLVCHLVVNMD ESMWTKEYEGNVSWEIKLSOPHTLS DMVTVTLANLIPFTLSLLSFLLLIC SLCKHLKMQFHGKGSPOSNTKVHI KALQTVTSFLLLFVYFLSLITSIW NFRRLNBPVLMLSQTTALIPSPF HSFILWGSKKLKQTFLLILCQIKC	>nGR15 nt ATGATAACTTTTCTACCCATCATTTTTTCCATTCTAGTAGTGGTTACATT TGTTCTTGGGAATTTTGCTAATGGCTTCATAGTGTGGTAAATTCATTG AGTGGGTCAAGAGACAAAGATCTCCTTTGCTGACCAAAATTCCTACTGCT CTGGCAGTCTCCAGAGTTGGTTTGGTCTGGTAATATTATTACATTGGTA TGCAACTGTTTTGAATCCAGGTTTCATATAGTTTAGGAGTAAGAATTA CTATTAAATGCCTGGGCTGTAAACCAACCATTTCAAGTCTGGTGTCTACT AGCCTCAGCATATTTTATTTCCTCAAGATTGCCAATTTCTCCAACTTTAT TTTTCTTCACTTAAAAAGGAGAAATTAAGAGTGTCTTCCAGTGATACTAT TGGGGTCTTTGTTATTTTGGTTTGTCTCTTGTGTGGTAAACATGGAT GAGAGTATGTGGACAAAAGAAATGAAGGAAACGTGAGTTGGGAGATCAA ATTGAGTATCCGACGACCTTTCAAGATATGACTGTAAACAGGCTTGCAA ACTTAATACCTTTACTGTGTCTCTGTATCTTTCTGTCTTAACTCTGT TCTTTGTGTAAACATCTCAAGAGATGCAGTTCATGGCAAAGGATCTCC AGATTCCAAACACCAAGGTCCACATAAAAGCTTTGCAAACGCTGACCTCCT TCTCTTGTGTTATTTGCTGTTTACTTTCTGTCCCTAATCACATCGATTTGG AATTTTAGGAGGAGGCTGTAGAACGAACCTGTCTCATGTCTCAGCCAAAC TACTGCAATTATATACCTTTCATTTCAATTCATTATCTAATTTGGGGAA GCAAGAAGCTGAAACAGACCTTTCTTTTGATTTTGTGTGAGATTAAAGTGC TGA
>nGR16 aa MIFIQLTVFFMIITYVLESLEIIVQS SLIVAVLGREWLQVRRMPVDMILI SLGISRFCLQWASMLNNECSYFNLN YVLCNLTITWEFFNILTFWLNSLLT VFYCIKVSSTHHIFLWLRWRILRL FPWILLGSLMITCVTIIPSAIGNYI QIQLLTMEHLPRNSTVTDKLENFHQ YQFQAHTVALVIPFILFLASTIFLM ASLTQKIQHSTGHONPSMNAFETA LRLAKLVFIVFTSYFLTILITIGT LFDKRCWLWVWFAFYAFILMHSTS LMLSSPTLKRILKQKC	>nGR16 nt ATGATACCCATCCAACTCACTGTCTTCTTCATGATCATCTATGTGCTTGA GTCTTGACAATTTATGTGCAGAGCAGCCTAATTTGTTGCAGTGTGGGCA GAGAATGGCTGCAAGTCAGAAGGCTGATGCTGTGGACATGATTCTCATC AGCCTGGGATCTCTCGCTTCTGTCTACAGTGGGCATCAATGCTGAACAA TTTTTGCTCTATTTTAAATTTGAATTATGTACTTTGCAACTTAACAATCA CCTGGGAATTTTTAATATCCTTACATTCTGGTTAAACAGCTTGCTTACC GTGTTCTACTGCATCAAGGTCTCTTCTTTCACCCATCACATCTTTCTCTG GCTGAGGTGGAGAAATTTGAGGTTGTTTCCCTGGATATTACTGGGTTCTC TGATGATTACTTGTGAACAATCATCCCTTCAGTATTGGGAATTACATT CAAAATTCAGTTACTCACCATGGAGCATCTACCAAGAAACAGCACTGTAA TGACAAACTTGAAAAATTTTCATCAGTATCAGTTCCAGGCTCATACAGTTG CATTGGTTATTTCTTCTCCTGTTCTCTGGCTCCACCATCTTTCTCATG GCATCACTGACCAAGCAGATACAACATCATAGCACTGGTCACTGCAATCC AAGCATGAAAGCGGCTTCACTGCTGAGGTCTCTTGGCTCTTATTTA

	TTGGTTTACCTCTTACTTTCTAACCATTCTATCACCATTATAGGTACT CTATTTGATAAGAGATGTTGGTTATGGGTCGGGAAGCTTTTGTCTATGC TTTCATCTTAATGCATTCCACTTCACTGATGCTGAGCAGCCCTACGTTGA AAAGGATTCTAAAGGGGAAAGTGCTAG
>hGR17 aa MCSAXLLIILSILVVFVFLGNVAN GFIALINVDWVKTKISSTDOIVT ALAFSRIGLLXTLIILLHWYATVFN SALYSLEVRIVPSNVSAIINHFSIW LATSLSIFYLFKIANFSNFIFLHLK KRIKSVLLVILLGSLVFLICNLAVV TMDDSVWTKFEFEGNVTWKIELRNAI HLSNMTITNHASKLHTVHSDSNIFS AVSLFSXTMLANFTLFILTLISFLL LVCSPCKHLKMMQLHGKGSQDLSTK VRIKPLQTVISFRMLFAIYFLCIIT STWNPTQQSNLVFLLYQTLAIMYP SFHSFILIMRSRKLKQTSLSVLCQV TCWVK	>hGR17 nt
>hGR18 aa MEVGINIFFLVVATRGVLVGLMNG LIGLVNCIEWAKSWKVSSADFILTS LAIVRIIRLYLILFDSFIMVLSPHL YTIKRLVKLFTILWALINQLSI*FA TCLSIFFYLLKIANFSHSLFLWLKWR MNGMIVMLLILSLFLLIFDSLVEI FIOISLNIIDKSNLTLYLDESKTLY DKLSILKTLLSLTYVIPFLLTLTSL LLLFIISLVHRHTKNLQNSLGSROSS TEAHKRAMKCVIAFLLLFIINFIST LIGDWIFLEVENYQVMFIMMILLA FPSGHSFIIILGNKRLQSSRLLLW HLKFSLLKKAKPLTS	>hGR18 nt ATGTTGCTTGGGAATTAATATTTCTTTCTGGTGGTGGCAACAAGAGGACT TGCTTTAGGAATGCTGGGAAACGGGCTCATTGGACTGGTAAACTGCATTG AGTGGGCCAAGAGTTGGAAGGTCTCATCAGCTGATTTTCATCCTCACCAGC TTGGCTATAGTCAGAATCATTGACTGTATTTAATACTATTTGATTCATT TATAATGGTATTGTCCCTCATCTATATACCATCCGTAAGCTAGTAAAC TGTTTACTATTCTTTGGGCATTAAATTAATCACTTAACTATCTAGTTTGGC ACCTGCCTAAGCATTCTTCTACTTGGCTTAAGATAGCCAAATTTCTCCACTC CCTTTTCTCTGGCTGAAGTGGAGAATGAACGGAATGATTGTTATGCTTC TTATATTGTCTTTGTTCTTACTGATTTTGGACAGTTTAGTGCTAGAAATA TTTATTGATATCTCACTCAATATAATAGATAAAAGTAATCTGACTTTATA TTTAGATGAAAGTAAAGTCTCTATGATAAACTCTCTATTTTAAAGAACTC TTCTCAGCTTGACATACGTTATTCCTCTTCTTCTGACTCTGACCTCTTTG CTCCTTTTATTTATATCTTAGTGAGACACACCAAGAAATTTGCAGCTCAA CTCTCTGGGCTCAAGGGAAGTCCAGCACAGAGGCCCATAAAGGGCCATGA AAATGGTGATAGCTTCTCTCTCTCTCTTTTATTATTAACCTTTATTTCCACT TTAATAGGAGATTGGATCTTCTTGGAGTAGAGAATTATCAGGTGATGAT GTTTATTATGATGATTTTACTTGCCTTTTCCCTCAGGCCACTCATTTATTA TAATTTTGGGAAACAACAAGCTAAGACAGAGCTCCTTGAGACTACTGTGG CATCTTAAATCTCTCTGAAAGCAAAACCTTTAACTTCATAG
>hGR19 aa VTTLANLIPFTLSLICFLLLICSLC KHLKMRRLHSGKSQDPSTKVHIKAL QTVTSFLMLFAIYFLCIITSTWNLR TQQSKLVLLLCQTVAIMYPSFHSFI LIMGSRKLKQTFSLVLWQMTG	>hGR19 nt CTGTAACACTCTAGCAAAACCTCATACCCTTTACTCTGAGCCATATATGTT TTCTGCTGTTAATCTGTTCTCTTTGTAACATCTCAAGAAGATGCGGCTCC ATAGCAAGGATCTCAAGATCCAGCACCAAGGTCCATATAAAGCTTTGC AACTGTGACCTCTCTCTCATGTTATTTGCCATTACTTTCTGTGTATAA TCACATCAACTTGAATCTTAGGACACAGCAGAGCAAACTTGACTCCTGC TTTGCCAAACTGTTGCAATCATGTATCCTTCATTCCACTCATTCCTGA TTATGGGAAGTAGGAAGCTAAACAGACCTTTCTTTTCACTTTTGTGGCAGA TGACATGCTGAGTGAAAGAGAGAAACCTCAACTCCATAGATTACAAGG GGAGCATCGTGGGTCTTCTAGCAGAAAACAACTGATGGTCTCTGGAACAT TTTATAT
>hGR20 aa HLXRKAKSVVLVIVLGSFFLVLCQL VMKNTYINWTEECGNVTWKIKLR NAMHLSNLTAVMLANLIPFTLTVIS FLLLIYSLCKHLKMMQLHGKGSQDP STKIHIKALQTVTSFLVLLAIYFLC LIIS	>hGR20 nt TTCATCACTTANAAAGGAAGGCTAAGAGTGTAGTTCTGGTGATAGTGTTG GGGTCTTTGTTCTTTTGGTTTGTCAACTTGTGATGAAAAACACGTATAT AAATGTGTGGACAGAAGATGTGAAGGAAACGTAACCTGGAAGATCAAAC TGAGGAATGCAATGCACCTTTCCAACCTGACTGTAGCCATGCTAGCAAAC TTGATACCATTCACTCTGACCTGTATATCTTTCTGCTGTTAATCTACTC TCTGTGTAACATCTGAAGAAGATGCAGCTCCATGGCAAGGATCTCAAG ATCCCAGCACAAGATCCACATAAAGCTCTGCAAACTGTGACCTCCTTC CTCGTATTACTTGCCATTACTTTCTGTGCTAATCATATCTTTTG
>hGR21 aa MPPGIGNTEFLIVMMGEFII*MLGNG	

FIVLVNCIDW*GVK*STASSPA WLSQSVNFG*YYLIHL*QHYGHIY MPSIN**NLFIFFGH*PIT*LPGLL P*CFLLL*NTYFSHPCFIWLWRIS RTLELPLGSLLLFFNLALTGGLS OLWINIYTIYERNSTWSLDVSKILY CSLWILVSLIYLIISFLLSLISLLL ILSLMRHIRNLQLNTMGPRDLRMKA HKRAMKMKMKMMVSLFFLVHFSS LLPTGWI FLIQQK*QANFFVLLTSI IEPSSHFSVLILENCKLRQTAVGFL WHLKCHLKRVKL	
>hGR22 aa MATESDTNLLILAI AEFIISMLGNV FIGLVNCSEXIKNKVFSADFILTC LAISHNGQLLVILFDSFLVGLASHL YTTYRLXKNCIMLWT	>hGR22 nt TATAGGGACNGTGATGCTTCGTACACTCTCCAGAAGAAACACTCCGTGAG GTATGTGAGACTGCATNCCTTAGTAGATCTNTTGGGATATATATTCATAAT ATAGAAAAANAGGCAAGACTTNCCTAAGTATATGAGACTCTATCCAACAG CAGAAGGTTCTGATCAAGACTGGAAAGTGCAATANAASCAATGAAGATAAGT ATCAGATATGAATGCTCTTCTGCAATGGTCTGATTGTNACATTATTAATGA TACANAGTATTA AAAACTTGGATTTTNTTGTCTCTGAGATGGCCACCGAA TCGGACACAAATCTTCTGATTCTGGCAATAGCAGAATTCATCATCAGCATG CTGGGGAATGTGTTCAATGGACTGGTAAACTGCTCTGAANGGATCAAGAAC CANAAGGTCTTCTCAGCTGACTTCATCCTCAGCTGCTTGGGTATCTCTCAC AATGGACAACCTGTTGGTGATACTGTTTGATTCTTTCTAGTGGGACTTGCT TCACATCTATATACCACATATAGACTANGAAAAAACTGTATTATGCTTTGG ACATGACTAATCACTTGACACACTGCTTCGCACGTGCTAGCATATTCTATT CTTAGATAGCCACTTCNCACTCCTTGCTCTCTCTGAAGTGGCAAT
>hGR23 aa VAFVLGNVANGFIALVNVIDXVNR KISSAEQILTALVVSRIQXTLXHSI P*DATRC*SALYRXEVRIVASN	>hGR23 nt AGGGTTGAGTCGTGCTTATCTTCACTTAACCTAGTATANAANTACAGCATA TAGCAAGGAGAGAATGTATATGAAGAGGAGTGAATTTGAGTCTGTTTGAGA ATAATGACCTTTTCTATTCTATAAAGACAGTTTTGAATTCATCTATTAGC ATATGCTGGTGCTTGCCCTGTTGACACTAGTCACTGAATTTAAAGGCAGAAA ATGTTATTGCACATTTAGTAATCAAGTGTTCATCGAAGTTAAACATCTGGAT GTTAAAGGACTCAGAACAAGTGTACTAAGCCTGCATTTTTTATCTGTTT AAACATGATGTGTTNTCTGCTCATCATTTTCATCAATTTCTGGTAGAGTTGCA TTTGTTCTTGGAATGTNGCCAATGGCTTCATAGCTCTAGTAAATGTCAAT GACTGNGTTAACAACAGAAAGATCTCCTCAGCTGAGCAAAATCTCACTGCT CTGGTGGTCTCCAGAATTGGTNTACTCTGNGTCAATAGTATTCCTTGAGAC GCAACTAGATGTTAATCTGCTCTATATAGGNTAGAAGTAAGAATTGTTGCT TCTAATGCCTGAGCTCGTACGAACCAT
>hGR24 aa MATELDKIFLILAI AEFIISMLGNV FIGLVNCSEGIKNQKVFSADFILTC LAISTIGQLLVILFDSFLVGLASHL YTTYRLGKTIVIMLWHMTNHLTTWLA TCLSIFFYFKIAHFPHSFLWLRWR MNGMIVMLLILSLFLLIFDSLVLLEI FIDISLNIIDKSNLTLYLDESKTLY DKLSILKTLTSLTSFIPFSLFLTSL LFLFLSLVRHTRNLKLSLGRDSS TEAHRRAMKMMVMSFLFLFIVHFFSL QVANGIFFMLWNNKYIKFVMLALNA FPSCHSFILILGNSKLRQTAVRLLW HLRNYTKTPNALPL	>hGR24 nt ATGGCCACCGAATTGGACAAAATCTTTCTGATTCTGGCAATAGCAGAATTC ATCATCAGCATGCTGGGGAATGTGTTCAATGGACTGGTAAACTGCTCTGAA GGGATCAAGAACC AAAAGGTCTTCTCAGCTGACTTCATCCTCAGCTGCTTG GCTATCTCCACAATTGSACAACTGTTGGTGATACTGTTTGATTCAATTTCTA GTGGGACTTGCTTCACATTTATATACCACATATAGACTAGGAAAAACTGT ATTATGCTTTGGCACATGACTAATCACTTGACAACCTGGCTTGGCACCTGC CTAAGCATTTTCTATTTCTTTAAGATAGCCCACTTCCCCCACTCCCTTTTC CTCTGGCTGAGGTGGAGGATGAACGGAATGATTGTTATGCTTCTTATATTG TCTTTGTTCTTACTGATTTTGGACAGTTTAGTGCTAGAAATATTTATTGAT ATCTCACTCAATATAAATAGATAAAAGTAATCTGACTTTATATTTAGATGAA AGTAAACTCTCTATGATAAACTCTCTATTTTAAAAACTCTTCTCAGCTTA ACCAGTTTATCCCTTTTCTCTGTTCTCTGACCTCCTTGGCTTTTTTATTT CTGTCTTGGTGAGACATACTAGAAATTTGAAGCTCAGTTCTTGGGCTCT AGAGACTCCAGCACAGAGGCCCATAGGAGGGCCATGAAAAATGGTGATGTCT TTCCTTTTCTCTCATAGTTCAATTTTTTCTTACAAGTGGCCAATGGG ATATTTTTTATGTTGTGGAACAACAGTACATAAAGTTTGTCTAGTGTAGCC TTAAATGCCTTTCCCTCGTGCACTCATTTATCTCATTTCTGGGAAACAGC AAGCTGCGACAGACAGCTGTGAGGCTACTGTGGCATCTTAGGAACTATACA AAAACACCAAATGCTTTACCTTTGTAG

>hGR25 aa LSPFFMLFAIYFLCIITSTWNPRTQ QSNLVFLLYQTLAIMYPSFHSFILI MRSRKLKQTSLSVLCQVTCWVK	>hGR25 nt
>hGR26 aa MPPGIGNTFLIVMMGEFII*MLGNG FIVLVNCIDVRSQMILLDNCILTS AISTISQLWIIILDSFVTALWPHLY AFNKLIKFIHIFWALTNHLVTWLAC CLSVFYFFKIAIFSHPCFIWLRWRI SRTLLELP LGSLLLLFFNLALTGGL SDLWINIYTMVERNSTWSLOVSKIL YCSLWILVSLIYLISFLLSLISLLL LILSLMRHIRNLQNTMGPRDLAMK AHKRAMKMKMKMVSFLLFFLVHFS SLLPTGWIFLIQOK	>hGR26 nt
>hGR27 aa LANLIDWAENQICLMDFILSSLAIC RTLLLGCCVAIRCTYNDYPNIDAVN HNLKIITIFDILRLVSK*LGIWFA SYLSIFYLLKVALFHHAIFLWLKWR ISRAVTFFLMIFLFFYISIIISMIKI KLFLDQC*YKI*EKLLLEGRCE*SP PSC*PDAA*PGVVYSLYHFSYLMFL VCYLPKGGKHCATAVVIGDWLQRPTE AYVRAMNIMIAFFHLLYSLGTSLS SVSYFLCKRKXIVALGAYLSYPLSHS FILIMENNKVRKAL	
>hGR28 aa NICVLLIILSILVVSAFVLGNVANG FIALINVNDW	>hGR28 nt
>hGR29 aa MQAALTAFFVLLFSLLSLLGIAANG FIVLVLGKEWL	>hGR29 nt
>hGR30 aa MITFLPIIFSIILVVVFVLGNFSNG FIALVNSIEWVKTRKISSAQILTA LVVSRVGLLWVILLRWYANVENSAL YSSEVGAVASNISAIINHFSIWLAT SLSIFYLLKIANFSNLIFLHLKKRI RSVVLVILLGPLVFLICNLAVITMD DSVWTKEYEGNVTWKIKLRNAIHL NMTVSTLANLIPFILTLICFLLLIC SLCKHLKMKQLHGKGSQDPSTKVHI KALQTVTSFLLCAIYFLSMIISVC NFRLEKQPVMFCQAIIFSYPSTH PFILILGNKKLQIFLSVLRHVRYW VKDRSLRLHRETRGALCVF	>hGR30 nt ATGATAACTTTTCTACCCATCATT TTTTCCATTCTGGTAGTGGTTACATTT GTTCTTGGAAATTTTCCATGGCTTCATAGCTCTAGTAAATTCATTGAG TGGGTCAAGACACGAAAGATCTCCTCAGCTGACCAATCCTCACTGCTCTG GTGGTCTCCAGAGTTGGTTTACTCTGGGTGATATTATTACATTGGTATGCA AATGTGTTTAAATTCAGCTTTATATAGTTTCAAGAGTAGGAGCTGTTGCTTCT AATATCTCAGCAATAATCAACCATTTCAGCATCTGGCTTGTCTACTAGCCTC AGCATATTTTATTTGCTCAAGATTGCCAATTTCTCCAACCTTATTTTCTC CACTTAAAGAAGAGAATTAGGAGTGTGTTCTGGTGATACTGTTGGGTCCC TTGGTATTTTGTATTGTAATCTTGCTGTGATAACCATGGATGACAGTGTG TGGACAAAAGAATATGAAGGAAATGTGACTTGGAAGATCAAATTGAGGAAT GCAATACACCTTTCAAATATGACTGTAAGCACACTAGCAAACCTCATACCC TTCATTCTGACCCTAATATGTTTCTGCTGTTAATCTGTTCTCTGTGTAAA CATCTCAAGAAGATGCAGCTCCATGGCAAAGGATCTCAAGATCCCAGCACC AAGGTCCACATAAAAGCTTTGCAAAGTGTGACCTCCTTTCTTCTGTTATGT GCCATTACTTTCTGTCCATGATCATATCAGTTTGTAAATTTGGGAGGCTG GAAAAGCAAACCTGTCTCATGTTCTGCCAAGCTATTATATTCACTATCCT TCAACCCACCCATTCTCTGATTTTGGGAAACAAGAAGCTAAAGCAGATT TTTCTTTCAGTTTTCGGGCTGTGAGGTACTGGGTGAAAGACAGAAGCCTT CGTCTCCATGATTTCAAGAAGGGGCATTGTGTGTCTTCTAG
>hGR31 aa MTTFPIIFSSVVVLFVIGNFANG FIALVNSIERVKRQKISFADQILTA	>hGR31 nt ATGACAACCTTTTATACCCATCATT TTTTCCAGTGTGGTAGTGGTTCTATT TGTTATTGGAAATTTTGCTAATGGCTTCATAGCATTGGTAAATTCATTG AGCGGGTCAAGAGACAAAAGATCTCTTTTGCTGACCAGATTCTCACTGCT

LAVERVGLLWVLLLN...TVFNPAF YSVEVRTTAYNVWAVTGHFSNWLAT SLSFYLLKIANFSNLIFLHLKRRV KSVILVMLLGPLLFLACQLFVINMK EIVRTKEFEGNMTWKIKLSAMYFS XMTVTIGAXLVPFTLSLISFLMLIC SLCKHLKKMQLHGEQSDDLSTKVHI KALQTLISFLLLCALFFFLIVSVW SPRRLRNDPVMVMVSKAVGNIYLAFD SFILIWRTKKLKHTELLILCQIRC	CTGGCGGTCTCCAGAGTTGGTTTGCTCT...TATTATTATTAAATTGGTA TTCAACTGTGTTTAAATCCAGCTTTTATATGTAGAAGTAAGAACTACTG CTTATAATGTCTGGGCAGTAACCGGCCATTTCAGCAACTGGCTTGCTACT AGCCTCAGCATATTTTATTTGCTCAAGATTGCCAATTTCTCCAACCTTAT TTTTCTTCACTTAAAGAGGAGAGTTAAGAGTGTCTTCTGGTGATGCTGT TGGGGCCTTTACTATTTTGGCTTGTCAACTTTTTGTGATAAACATGAAA GAGATTGTACGGACAAAAGAATTTGAAGGAAACATGACTTGGAAAGATCAA ATTGAAGAGTGCATGTACTTTTCANATATGACTGTAAACATTGGAGCAN ACTTAGTACCCCTTACTCTGTCCCTGATATCTTTCTGATGCTAATCTGT TCTCTGTGTAACATCTCAAGAAGATGCAGCTCCATGGAGAAGGATCGCA AGATCTCAGCACCAAGGTCCACATAAAAGCTTTGCAAACCTGTGATCTCCT TCCTCTTGTATGTGCCATTTCTTTCTATTCTAATCGTTTCGGTTTGG AGTCTAGGAGGCTCGGGAATGACCCGGTTGTATGTTAGCAAGGCTGT TGGAAACATATATCTTGCAATTCGACTCATTATCTAATTTGGAGAACCA AGAAGCTAAAACACACCTTTCTTTTGATTTGTGTGAGATTAGGTGCTGA
>hGR32 aa HSFMLTMGSRKPKQTFLSAL	
>hGR33 aa MVYFLPIIFSLVVFVFLGNFSNG FIALVNVIDWVKRQKISSADQILTA LVVSRVGLLWVILLHWYANVNSAL YSLEVRIVASNISAVINHFSIWLAA SLSFYLLKIANFSNLIFLHLKRI KSVVLVILLGPLVFLICNLAVITMD ERVNTKEYEGNVTWKIKLRNAIHLS SLTVTTLANLIPFTLSLICFLLLIC SLCKHLKKMQLHSGSQDPSTKVHI KALQTVISFLMLCAIYFLSIMISVW NLRSLNKPVEMFCKAIRFSYPSIH PFILIWGNKKLQTFLSVFWQVRYW VKGEKPSSP	>hGR33 nt ATGGTATATTTTCTGCCATCATTTTTCATTCTGGTAGTGTTTGCATT TGTTCTTGGAAATTTTCCAATGGCTTCATAGCTCTAGTAAATGTCATTG ACTGGGTAAAGAGACAAAAGATCTCCTCAGCTGACCAAAATCTCACTGCT CTGGTGGTCTCCAGAGTTGGTTTACTCTGGGTCAATATTATACATTGGTA TGCAAAATGTGTTAATTCAGCTTTATATAGTTTAGAAGTAAGAATTGTTG CTTCTAATATCTCAGCAGTAATCAACCAATTCAGCATCTGGCTTGCTGCT AGCCTCAGCATATTTTATTTGGTCAAGATTGGCAATTTCTCCAACCTTAT TTTTCTCCACCTAAAGAAGAGAATTAAGAGTGTGTTCTGGTGATACTGT TGGGGCCTTGGTATTTCTGATTTGTAAATCTGCTGTGATAACCATGGAT GAGAGAGTGTGGACAAAAGAATATGAAGGAAATGTGACTTGGAAAGATCAA ATTGAGGAATGCAATACACCTTTCAAGCTTGACTGTAACTACTTAGCAA ACCTCATACCTTTTACTCTGAGCCTAATATGTTTCTGCTGTTAATCTGT TCTCTTTGTAAACATCTCAAGAAGATGCAGCTCCATAGCAAAGGATCTCA AGATCCAGCACCAAGGTCCACATAAAAGCTTTGCAAACCTGTGATCTCCT TCCTCATGTTATGTGCCATTTACTTTCTGTCCATAATGATATCAGTTTGG AATCTTAGGAGTCTGGAAAACCAACCTGTCTCATGTTCTGCAAAGCTAT TAGATTGAGCTATCTTCAATCCACCCATTATCTGATTTGGGGAAACA AGAAGCTAAAGCAGACTTTTCTTTTCAAGTTTGTGGCAAGTAGTACTGG GTGAAGGAGAGAAGCCTTCATCTCCATAG
>hGR34 aa GSSRXKPPRI...KKLCKLGPSPFHN NLPIYFLCXNHIVLEFLKMRPKKCC SLMLCQAFGIIYPSFHSFILXWGNK TLKQTFLSVXWQVTCWAKGQNSTP	
>hGR35 aa NAIRPSKLWTVTEADKTSQPGTSANK FSAGNLISHVNMSRRMQLHGKGSQHL TRVHIKAXQTVISFLMLXAIYFLCLI STWNPRTQQSKLVFLLYQTLGFMYLL HSFILTMGSRKPKQTFLSAL	
>hGR36 aa MICFLLIILSILVVFVFLGNFSNG FIALVNVIDWVKRQKISSADQILTA LVVSRVGLLWVILLHWYSNVLSAL YSSEVIIFISNAWAIINHFSIWLAT SLSFYLLKIVNFSRLIFHHLKKA KSVVLVIVLGPLVFLVCHLVMKHTY INVNTKEYEGNVTWKIKLRNAIHLS NLTVSTLANLIPFTLTLSFLLLIY SLCKHLKKMQLHSGSQDPSTKVHI	>hGR36 nt ATGATATGTTTCTGCTCATTTTATCAATTCTGGTAGTGTTTGCATT TGTTCTTGGAAATTTTCCAATGGCTTCATAGCTCTAGTAAATGTCATTG ACTGGGTCAAGAGACAAAAGATCTCCTCAGCTGACCAAAATCTCACTGCT CTGGTGGTCTCCAGAGTTGGTTTACTCTGGGTAAATATTATACATTGGTA TTCAAAATGTGTTGAATTCAGCTTTATATAGTTTCAAGAATAAATTTTAA TTTCTAATGCTTGGCAATAATCAACCAATTCAGCATCTGGCTTGCTACT AGCCTCAGCATATTTTATTTGCTCAAGATGCTCAATTTCTCCAGACTTAT TTTTCATCACTTAAAAAGGAAGGCTAAGAGTGTAGTTCTGGTGATAGTGT TGGTCCCTTGGTATTTTGGTTTGTACCTTGTGATGAACACACGATAT ATAAATGTGTGGACAAAAGAATATGAAGGAAATGTGACTTGGAAAGATCAA

KALQTVTSFLLLCALSMIISVC NFRLEKQPVFMFCQAIIFSYPSTH PFILILGNKKLKQIFLSVFWQMRVW VKGEKPSSP	ACTGAGGAATGCAATACACCTTTCAAAGGACTGTAAAGCAGACTAGC ACTTGATACCTTCACTCTGACCTGTATTTTCTGCTGTTAATCTAC TCTCTGTGTAAACATCTCAAGAAGATGCAGCTCCATGGCAAAGGATCTCA AGATCCCAGCACCAGGTCCACATAAAAGCTTTGCAAACCTGTGACCTCCT TTCTTCTGTTATGTGCCATTTACTTTCTGTCCATGATCATATCAGTTTGT AATTTGGGAGGCTGGAAAGCAACCTGTCTTCATGTTCTGCCAAGCTAT TATATTGAGCTATCCTTCAACCCACCCATTCTCCTGATTTTGGGAAACA AGAAGCTAAAGCAGATTTTCTTTTCAAGTTTGTGGCAATGAGGTACTGG GTGAAAGGAGAGAAGCCTTCTCTCCATAG
>hGR37 aa MITFLPIIFSILIVVTFVIGNFANG FIALVNSIEWVKRQKISSADQISHC SGGVQNWETLGHIIITLVCNCV*FGF I*IRSKNFWF*CLSNQAFQHVGV SLSIFHLLKTANFSNLIFFHLKKRI KSVGLVILLGPLLFFICNLFVINMD ESVWTKEYEGNVTWKIKLRSAHYHS NMTLTMLANFVPTLTLLISFLLIC SLCKHLKKMQLHSGSQDPSTKVHI KALQTVTSFLLLCALFYLSMIISVC NLGRLEKQPVFMFCQAIIFSYPSTH PFILILGNKKLKQIFLSVLRHVRYW VKGEKPSSS	>hGR37 nt ATGATAACTTTTCTGCCCATCATTTTTCATTCTAATAGTGGTTACATT TGTGATTGGAAATTTTGTAAATGGCTTCATAGCTCTAGTAAATTCATTG AGTGGGTAAAGAGACAAAGATCTCATCAGCTGACCAAATTTCTCACTGC TCTGGTGGTGTCCAGAAATGGTTTACTCTGGGTCAATATTACATTGGT ATGCAACTGTGTTTAAATTTGGCTTCATATAGATTAGAAGTAAGAATTTT GGTTCTAATGTCTCAGCAATAACCAAGCATTTCAGCATGTGGGTGTACT AGCCTCAGCATATTTCAATTTGCTCAAGACTGCCAATTTCTCCAACCTAT TTTTCTCCACCTAAAGAAGAGGATTAAGAGTGTGGTTTGGTGATACTAT TGGGGCCTTTGCTATTTTTCATTGTGAATCTTTTGTGATAAACATGGAT GAGAGTGTATGGACAAAAGAATATGAAGGAAACGTGACTTGAAGATCAA ATTGAGGAGTGCAATGTACCATTCAAATATGACTCTAACCATGCTAGCAA ACTTTGTACCTTCACTCTGACCTGTATCTTTCTGCTGTTAATCTGT TCTCTGTGTAAACATCTCAAGAAGATGCAGCTCCATGGCAAAGGATCTCA AGATCCCAGCACCAGGTCCACATAAAAGCTTTGCAAACCTGTGACCTCCT TTCTTCTGTTATGTGCCATTTACTTTCTGTCCATGATCATATCAGTTTGT AATTTGGGAGGCTGGAAAGCAACCTGTCTTCATGTTCTGCGAAGCTAT TATATTGAGCTATCCTTCAACCCACCCATTCTCCTGATTTTGGGAAACA AGAAGCTAAAGCAGATTTTCTTTTCAAGTTTGTGGCATGTGAGGTACTGG GTGAAAGGAGAGAAGCCTTCTCTCCATAG
>hGR38 aa MLTLTRIARTVSVEVRSTFLFISVLE FAVGELTNAFVFLVNFWDVVKRQPL SNSDCVLLCLSLISRLFLHGLFLSA IQLTHFQKLSEPLNHSYQAIIMLWM IANQANLWLAACLSLLYCSKLIRFS HTFLICLASWSPGRSPVPS	>hGR38 nt
>hGR39 aa LRNAGLNDNAKLVRNNDLLINLI LLLPLSVFVMCTSMFLVSLYKHMHW MQSESHKLSSARTEAHINALKTVT FFCFVVSYPFAAFMANMTFRIPYRSH QFFVVKIIMAAYPAGHSVIVLSNS KFKDLFRMICLQKE	>hGR39 nt
>hGR40 aa SQYSLGHSYVVFYGYQMKTFLGI LWHLKCGLKGRALLATQVGLREKST RSLGVIFLASSYSFFVYVLC	>hGR40 nt
>hGR41 aa MITFLLIILSILVVFAFVLGNFSNG FIALVNVIDWVNTKISSADQILTA LAVSRVGLLWVILLHWYANVLNPA YSSEVIFISNISAIINHFSIWLAT SLSIFYLLKIVNFSRLIFHHLKRKA KSVVLVIVLGPLVFLVCHLVMKHTY INVWTKEYEGNVTWKIKLRNAIHL NLTVSTLANLIPFTLTLLISFLLIC SLCKHLKKMQLHSGSQDPSTKVHI KALQTVTSFLLMLFAIFYFLYLTSTW NL-TQQSKLVFMFCQTLGIMYPSFH	>hGR41 nt

SFILIMGSRKLTQTF	LCQVTCL
VKGQQPSTP	
>hGR42 aa	
FIGLTDGIAWMRNQKLCMVGFILTR	
MALARINIL	
>hGR43 aa	
LELIFS-KVVATRGLVLGMLGNGLI	
GLVNCIEWAKSWKVSSAOFILTSIA	
IVRIIRLYLILFDSFIMVLSPLHT	
XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXSL	
SIFHWFKTANFSNLIPLPLKEED-N	
VVLGDAVGALGIFHL-SCSENHG-E	
VCGQKNMKEFCSGMIKLRNAIQLSN	
LTVTMPANVTPTLTLLISFLLLIYS	
PCKHVKKMQLHGKGSQHLSTKVHIK	
VLQTVISFLLCAIYFVSVIISVWS	
FKNLENKPVFMFCQAIGFSCSSAHF	
FILTMGNKKLKQTYLSVLWQMR	
>hGR44 aa	
MITFLPIIFSILIVVIFVIGNFANG	
FIALVNSIEWVKRQKISFVQILTA	
LAVSRVGLLWVLLLHWYATQLNPAF	
YSVEVRITAYNVWAVTNHFSWLAT	
SLSMFYLLRIANFSNLIPLRIKRRV	
KSVVLVILLGPLLFLVCHLFVINMD	
ETVWTKEYEGNVTWKIKLRSAMYHS	
NMTLTMLANFVPLTLTLISFLLLIC	
SLCKHLKMKQLHGKGSQDPSTKVHI	
KALQTVISFLLCAIYFLSMIISVC	
NLGRLEKQPVFMFCQAIIISYPSTH	
PFILILGNKKLKQIFLSVLRHVRYW	
VKDRSLRLHRTFRGALCVF	
>hGR45 aa	
MATELDKIFLILATAEFIIISMLGNV	
FIGLVNCSEGIKNQKVFSAOFILTC	
LAISTIGQLLVILFDSFLVGLASHL	
YTTYRLGKTVIMLWMTNHLTTWLA	
TCLSIYFFKIAHFPHSLFLWLWR	
MNGMIVMLLILSLFLLIFDSLVLLEI	
FIDISLNIIDKSNLTLYLDESKTLY	
DKLSILKTLLSLTSFIPFSLFLTSL	
LFLFLSLVRHTRNLKLSLGSROSS	
TEAHRRAMKVMMSFLFLFIVHFFSL	
QVANWIFFMLWNNKCIKFMMLALNA	
FPSCHSFILILGNSKLQQTAVRLLW	
HLRNYTKTPNPLPL	
>hGR46	
MSFLHIVFSILVVVAFILGNFANGF	
IALINFIWVKKQKISSAQIIADK	
QSPFLVCSG	
>hGR47 aa	
MLNALYSILIIITNI-FLIGILNG	
FITLVNGIDWVKM-KRSSILTALTI	
SRICLISVIMVRWFI	
>hGR48 aa	
VSRVGLLWVILLHWYSTVLNPTSSN	

LKVIIIFISNAWAVTN ¹ EWLATSL SIFYLLKIVN	
>hGR49 aa TVTMLANLVPTVTLISFLLLVCSL CKHLKQMLHGKGSQDPSTKVHIKV LQTVISFLLCAIYFVSVIISS	
>hGR50 aa MITFLPIIFSILVVVTFVIGNFANG FIALVNSTEWVKRQKISFAOQIVTA LAVSRVGLLWVLLLNWYSTVLNPAF YSVELRRTYNIWAVTGHSNWPAT SLSIFYLLKIANFSNLI ¹ FLRLKRRV KSVILVLLGP ¹ LLFLACHLFVVMN QIVWTKKEYEGNMTW ¹ KLRRAMYS DTTVM ¹ LANLVPTVTLISFLLLVCSL SLCKHLKQMLHGKGSQDPSTKVHI KVLQTVISFLLCAIYFVS ¹ VIISVW SFKNLENK ¹ PFVFMFCQAIGFSCSSAH PFILWGNK ¹ KLQTYLSVLWQMRY	

>rGR01 aa MMEGHILFFFLVVMVQFVTGVLANG LIVVVAIDLIMWKKAPLDLLFC LATSRIILQLCILFAQLCLFSLVRH TLFEDNITFVFIINELSLWFATWLG VFYCAKIATIPHPLFLWLKMRISRL VPWLILGSVLYVIITTFIHSRETS ILKPIFISLFPKNATQVGTGHNATLL SVLVGLTLPLFIITVAVLLLIYSL WNYSRQMRMTMVGTRYSGHAHISAM LSILSFLILYLSHYMVAVLISTQVL YLGSRTEFVCLLVIGMYP ¹ SIHSIVL ILGNPKLKRNAKMFVHCKCCHCTR AWVTSRSPRLSDLPVPPT ¹ HPSANKT SCSEACIMPS	>rGR01 nt CAGGAATCATAAATGGCTGAAACTGGGCAGAACTCTATGCATTATTTAAAG AAGTCATTGGT ¹ TTGTCATTCTTAAATGATGGAAGGSCATATACTCTTCTT CTTTTGGTTGTGATGGTGCACTTTGTCAC ¹ TGGGGTCTTGGCAAAATGGGCT CATTGTGGTTGTCCATGCTATTGACTTGATCATGTGGAAGAAAATGGCCCC GTTGCACTCTGCTTCTATT ¹ TTGCTGGCGACTTCTCGSATCATTCTGCASTT ATGTATATTGTTGCACAALTGTGCTATTCTCTTTGGTGAGACACACTTT ATTTCAGGACAATATTACCTTTGTCTTCATCATAAATGAACTGAGTCTTTG GTTTGCTACATGGCTCGGTGTTTCTACTGTGCAAGATTGCTACCATTC TCACCCACTCTTTCTGTGGCTGAAGATGAGGATATCCAGGTTGGTACCATG GCTGATCCCTGGGATCTGTCTCTATGTAALTATTACTACTTT ¹ CATCCATAG CAGAGAGACTTCAGCAATCTTAAACCAATTTTATAAGCCTTTTCTCTAA AAATGCAACTCAAGTCGGAACAGGGCATGCCACACTACTCTCAGTCTGGT CCTTGGGCTCACACTGCCCTTTGTTCTCTTTACTGTTGCTGTTCTGCTCTT GATATACTCCCTTGGAATTATAGCAGGCAGATGAGGACTATGGTAGGCAC CAGGGAGTATAGCGGACATGCTCACATCAGTGCATGCTGTCCATTCTATC ATTCTCTATCCTCTATCTCTCCCACTACATGGTGGCTGTTCTGATCTCTAC TCAAGTCTCTACCTTGGAGCAGAACCTTTGTATTCTGCTTACTGGTAT TGGTATGTACCCCTCAATACACTCGATTGTCTTAATTTAGGAAATCTTAA GCTGAAACGAAATGCAAAATGTTCTTGTCCATTGTAAGTGTGTCTATTG TACAAGAGCTTGGGTCACTCAAGGAGCCCCAAGACTCAGTGACTTGGCAGT GCCTCCTACTCATCCCTCAGCCAACAAGACATCCTGCTCAGAAGCCTGTAT AATGCCATCTTAATGTCCAGCCTGAGGTTTAACTCCTAGGTTTGGTACTAT TTCAAAGAGTAAAGTTGATCATTAAAGCACAACATATGTTGGTGGATGACA TCAAGGTCCATATCCCAGTTGTCAATTGTAAACCTCACCTTGAAGATGAT GTCACTGAGAAAGCAGGACAAATGGAGTCTAGGTCTTCTGTATGACTTGC TGCAGTATATGTGAATCTATAATTTTCTCAAAAAAACAAAAA AAAAA
>rGR02 aa MFSQKTNYSHLFTFSIIFYVEIVTG ILNGFIALVNIMDWLKRRI ¹ STAD QILTALALTRLIVVSVLICILLF LCPHLSMRPEMFTAIGVIWVVDNHF SIWLATCLGVFYFLKIASFSNSLFL YLKWRVKVVLMIILISLIFLMLNI SSLGMVDHFSIDVYEGNMSYNLVD THFPRI ¹ FTNSSKVFLIANSSHV	>rGR02 nt (3'UTR not pristine) ATTTTGCTCCACTATTTTGTCTTCTGCAGTAACACAGACCACAAAACAAT GGAGCCAATGGGTCAAGAGCTGAAACTTCAGGAAGTGGGAGCCAAATTTCT TTTGTGATAGGTTGGCATATGAGAATTCATTATTTGATGCAGCTTCTGAAA ACTGGATGTGAAATACTGGATGAAGCAGAGGTGATGACCCCTTTGAAATTA AAAAGCCAAGATGTTCA ¹ TGGGAAATTA ¹ AAAACAATATCTGGGAAATTTG ATGCTTCCTAATCGGGTGTAAATGGGATTTTAAATGATGAACATTTTGAAT TTCCAATGACCATTATGTAAAGTTT ¹ TAACACAGTAGAGACATCATAAAT TGAAGCATGTTCTCACAGAAAACAACTACAGCCATTGTTTACTTTTTCAT ATTATTTTATGTGGAATAGTAACAGGAATCTTAGGAAATGGATTGATA

LPINSLFELIPFTVSLFVLFLS LWKHHKKMQVNAKGPRDASTMAHTK ALQIGFSFLLLYAIYLLFIITGILN LDLMRCIVILLFDHISGAVFSISHS FVLILGNSKLRQATLSVLPCLRCRS KDMDTVVF	GCCTAGTGAATATCATGGACTGGCTCAAAGAGGAGGATCTCTACTGCA GATCAGATTCTCACTGCTTTGGCCCTTACCACTCATTATATGTGTGGTCT GTACTCATTGTATATTTGTTACTATTTCTGTGCCACATTGTCTATGAGA CCAGAAATGTTTACAGCGATAGGTGTTATCTGGGTAGTGGATAACCACTTC AGCATCTGGCTTGTACATGTCTTGGTGTCTTTTATTTCTCAAAATAGCC AGTTTTCTAACTCTTTGTTCTTTACCTAAAGTGGAGAGTTAAAAAAGTG GTTTTAATGATAACTGATATCACTGATTTCTTGTATGTTAAACATTTCA TCATTAGGGATGTATGATCATTCTCAATTGATGTTTATGAAGGTAATATG TCTTATAATTGGTGGATTCAACACATTTCCCAAGATTTTCTTATTCACA AACTCATCTAAGGTCTTCTTAATGCCAATTCATCCCATGTTTCTTACCC ATCAACTCACTCTTCATGCTCATACCCCTTACAGTTTCCCTGGTAGCTTTT TTCGTGCTCTTTCTCTCACTGTGGAGCATCACAGAAGATGCAGGTCAAT GCCAAAGGACCCAGAGATGCCAGCACCATGGCCACACAAAAGCCTTGCAA ATTGGGTCTCTCTCTCTCTCTGTATGCAATATACCTTCTTTTCAATTATC ACAGGAATTTGAACCTTGACTTGATGAGATGTATAGTAATAGCTTTTATTT GACCACATCTGGAGCAGTTTTTTCTATAAGCCACTCATTGTCTGATT CTGGGAAACAGTAAGCTGAGACAAGCCACTCTTTCTGTGCTGCCTTGTCTT AGGTGCCGGTCCAAAGATATGGACACTGTCTTTCTAAATAAATCCAGAG TACATTATGCAAAATCTTGAGGGTGATCAGTTCATAGAAAAAGTAATCTTA GAGGGGAAAAATAAAATATTGGGGCTTCAAATGTTGGATGGGTAATACATAG GAAGGCAGGACAAGGATGAAGGAGACTAGCATTATATAAGTGATTTCCAGS GGGAAATGGGAAAGAGGGCTTTTATATAATGAAGAAGAGATAAATGATGA AGGATGAGGAAGAGTTAAATATGTAAATGACAAATAGAGATGGCATCATGC CGTTTTAAGAAATTTGGAATGCATATGTATGTTTATATATTTTTTAATTTT TATTGAATATATTTATTTACATTTTAAATGTTATCCTGTTTCCCCACCCA ACCTCCCACCTCTTCCCACCTCCTTGGCTGACATTCCCTGCACTGGGGA ATCCAGCCTTGACAGGACCAAGGGCTTCTCTCTCTTTGTTGCCAACAGG CCATTCTTTGTACATGTGCAGCAGGAGCCATGGATCTGTCTATGTGTACT CTTTGGATGGTGGTTTAGTCCCTGGGAGCTCTTGTGGTGGTATTGTTGT TCTTATGGTGGTGCACCTCCCTTCAGCTCCTTCAATCCTTCTGTAACTCC TCCAATGTGGACCTGTTCTCAGTCCAAATGGTTGACTATGAGCATTCACCT CTGTGATTGTCTGCTCTGGCACAGCTTCTCAGAAGACAGCTACATCAGTC TCCTATAAGAGTGCACTTCATGGCATCAGCAATGTTGTCTGATTGGTGT CTGTATGTATGGCTGGATCCAGGTGGGGCAGGGCTGAATGGTCATT CCTTCAGTCTTTGCTCCAACTTTGTCTTTATATCTCTATGAATATTTT GTTCCCCCTTATAAGAATGACTGAAGTATCCACACTTTGGCCATCCTTCTT CATGAGCTTCATGTGGTCTGTGAATTGTACATTGTGTAATCCAAGCTTTTG GGCTAATATGCCAATTATAGTGAGTGCAATACCAAAAAAAAAAAAAAAAAA AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
>FGR03 aa MVPTQVTIFSIIMYVLESIVIIQVS CTTVAVLFREWMHFQRLSPVEIILI SLGISHFCLQWTSMLYNFGTYSRPV LLFWKVSUVWEFMNVLTFWLTSLLA VLYCVKVSSESHPVFLWLRLLKILKL VLWLLLGALIASCLSIIPSVVKYHI QMELLTLDLHPKNSSLILRLQMFHW YFSNPFKMGFGVPFLVFLISIIILL TVSLVQHWGQMKHYSSSSSSSLRAQC TVLKS LATFFIIFTSYFLTIIVSFI GTVFDKKSFWVCEAVIYGLVCIHF TSLMMSNP TLKKALRLQFWSPESS	>FGR03 nt (cds pristine; 3'UTR not so hot) GCATGGTGCCAAACCAAGTCACCATCTTCTCTATCATCATGTATGTGCTTG AGTCTCTTAGTCATAAATGTGCAAAAGTTGCACACGGTTGCAGTCTGTTCA GAGAGTGGATGCACCTTTCAAAGACTGTCCCGGTGCAAAATAATCTCATCA GCCTGGGCACTTTCACATTTCTGTCTACAGTGGACATCGATGCTGTACAAC TTGGTACCTACTCTAGGCTGTCTCTTTTATTTTGAAGGTATCGGTCTGCT GGGAGTTTCATGAACCTTTTGACATTCTGGCTAACCAAGTTTGGTCTGTGCT TCTACTGTGTCAAGGTCTCTCTCTCTCTCACCCCGTCTTCTCTGGCTGA GGTTGAAAAATTTGAAACTGGTTCTCTGGTTCCTATTGGGCGCTCTGATAG CTTCTTGTTTGTCAATCATCCCTCTGTTGTAAATATCATATCCAGATGG AATTACTCACCTTAGATCATTTACCCAAAAACAGTTCTTTGATTCTAAGAC TGCAAAATGTTCCAGTGGTATTTTCTAATCCTTTCAAAATGATTGGGTTTG GCGTTCTCTTCTCTGTTCTCTGATTCTATCATCTTACTCAGACTCTCGG TGGTCCAGCAATGGGGGAGATGAAACACTACAGCAGCAGCAGCTCCAGCC TGAGAGCTCAGTGCACCTGTTCTGAAGTCTCTTGGCACCTTCTTCATCTTCT TCACATCCTATTTTCTGACTATAGTCTGCTCTCTTAAATGGCACCGTGTGTT ATAAGAAGTCATGTTCTGGGTCTGCGAAGCTGTCACTATGTTTAGTCT GTATTCACTTCACTTCCCTGATGATGAGCAACCTACACTGAAAAAAGCAC TCAGGTTGCAGTTCTGGAGCCAGAGTCTTCTAAGGCAGGGAATTCAGTG AAGCCTCTGGGGTAAGGAGGCTTTGCATTGGCACAGTCTTAGAGTGAAAT GCAACGTTGGACACGAACCTTCACTCTTTTCTATGTCACAGATGGATGGAT CTATAAATCATACCAATCTTCCCTGTATTCTGACCCATCCTTTTCTGTCT CTATCCATAGTCCCAGGTTGGTTTGTATTTTCTCATGATCACACCTTAG CTTTAGCCACCGTGTCAATATCAAAACATGATCTATATGTTACAGCCAAAT

CATTCTCACAATTGTCATTGCTTCACAATCAGATAAATCCCCCTTCCT
GTCAGGAATGTATTGTCTGTGCATTCAATGTCACCATGCTAAGCCATTCA
TTCCCTTCCTAAGTTGAGTTAAGAAGAAATGTCTTACTGTTGCCCATGT
CCTATTGTGCTGCTTCTGATGTTTTATGCAGTGATTAGACACACGCCCT
TGCTGTCTCCAAATACTGGCCCTTTATTCCTTTATAAGTCTAGTAGAAAA
TGAACCTCGTCTTTACTTCATTGACGAAGACATTGTATTCTCCCCAAAATA
GTGTTAACTACTCTAGTCTCATCCATAATATCCCTAAATATCAGTGATTT
CAGTGAGTAAACCTGACAACAGTTATTGCTTTGACTCTTAATTCAATTGT
GCTGTAACATAGAGGAACATTCTAGAACATTTCCATATTAATTTGTGCTT
GTAGCAAAACAAAATTCTCCCCAGTTGGGTAAAAATATCAAAAGCACAGAG
TAATCAATTTTGAATCACTCAGAAGACATCATTGTTCTATATATGTTTTT
TTTAAACTTCCCTCTAACAAGTATCAGATCTTTGCCTTTACAGGGTCTGGT
CTTACCATGACTATATTTATCACCATGACCTATTTCTCTTCATCTCTTT
GTTTTCTACTAAGTCAAGTACCAACCAATATCACATTAATAGCTAACTCTGG
GCCTTATTTCTCAGCCCTTTATCTATTCAGACACTTTCAATGTATTTCTG
CTAAACACAATGACATCTCTTTTGTGTTCTAACGACAAGGAATCATAACT
TTCCAACCTTTATACATGGTAGACATATTTGGTGAACCTTAACTCTGACTC
TTTCTTTAGAGACTGAAACTACTCCGAAAGCAAGCCTTCTGATGGAGAA
ATAGATACGGGTATCGTGATTGTTGTGAAAGTGAATTCGGGTGCTGGAA
AGAAATGGATATTTTTTTCTCTTGAGTGTGTCACTCTGACATATGTTCC
ATGTTGAATCCATATTTGATACTGATAGCATGAATGTAAGTAAAGCATGTA
TGTAAGTAAAGACTGCTACCAAACTTCGATTCAACTTTCTCAGCAGTAT
CCCTGATATTGCTAAGAAAGAAACACCGCTGTCTACTTGAAGGAAGGA
CGTGTTCCATGCAATGTGGATGTGTCAGGCTACATTGGCTCAACTGCAG
CTGAAGGTGGGATGGGAAATGGTATAGTTAGTAATGTCGTGAGCTGTCT
CACTGGAAAGGATTCTGAGCAGAGTAAATGTAAGCAATGTGGCCAGGTCT
CCTAGGAATGGGTTGTAAAGCTGTAAAGGAGTTGGGTTGTAAAGATTGGGA
TCCTTTTCAATGGATTGAGCAAGAGCCACTGAACTTGGACTATACCTTT
GTTATTTGTATCTAAATCCAGAAGGTCTTTGCATGTTCCAAATCTCAGA
TAGCTGGAAGGAAGAAAGGACTGTTCTCTTTACAAGTATATAAATAGAGAA
GAGCTAAAAAGGACCCCTCACCCCCGCGTACACACAGGAATACTATTG
CAGAACTAGGGAGTATTTTAGTGTCTCACTATTTCCCTTTGAAAAAAG
TGCAATGGAAAACTTATCCATGACATACATGAGGTTGGAGTGATAAAACA
GCTGAAGGAAGAGGAAGTCTGAAAAAGATGGAACAGCAATGATGCTTGT
CCTATATATGTGTGACACCCACTAGTTCCCAAGGAACCTTACATCCATTA
TCTCATTTCAAGCTGGAAAGCAAGTCAAGTCACTCAACCGACCCAGCTG
GAAAAACAGACCTAAGAAATGTTAACTCATACTGATGGTTATTTCTCACTCT
AAAGTCAATGCAATGGATAGCAAAACAAAGGGCTATTTTTTAAAGGGACC
AGAGGGTTTCAATCTAGAATCAGAGAAAAGATAAAAGGGAGATGCTATAG
AAAAACAATAGAGAAGATGTGGCCAAAGCAAGGAAAAATCTCCAGTTAGCT
TGGCACTTAGGGGCCAATGTTTCTGTTGTTGGGCTTTCAATACTGTATT
GCATGTTGGGCTCACTATGTTTTAGTTGTGAGTGGGTTGTGCTTCTGGAA
TTAAGAAAGGTCTGTTCTAGATTTCAAGTACAAATGTTTAGAAGCCCAT
GGTAGCATCAGTGAAATTAGGAAAAAAGTGTGAGCACTGCTGGCTGGACTT
GGCAAGTCATTCACTATTTACACATCAATTTATTAGCAACTTGAAAGTAA
ATCTTTGCTCATCATCCAGTGGCCCCCATGATCCTGGTGAATGACTTGTAA
TACTGTGGAGACTGGCAACGACGGTGAATTCCTAGTAACACTTACCATAGA
ATCTGTTTATATTAGACTCCCCAGATTTTAGTTGCTAGAGAACAATCTT
TCTCCTTTACCCATCTCTACTGAGTAGGATGCATAGGTTCCGAAACCCC
CATGGCATCGTTTGACTCCTCTGAGTCAAGAGAGTCCAGTCAACAGTC
TCCGAAACACCTGCCAAGTCTAACTCCCAACAGTCTACAGTGTAAACCTC
AGTGTGTCATGAGGTTTATGTATCTCTTACCATTCTCTAAATGTCAATA
CCCGTGACAGGATATTTGCAAGGCTGCTCCAAAGCCTGGGAACACTCT
CCTCCTCGCATTTGCTGGGTTTCACTTTTCAATTCAGTGTGCCCTTTAA
AGGCACTGCTTTTCTAGGCCACCACTATTGCTGCTCAGGATCAACATCA
AATCTACCACAGGCTTTTGCCTCTCAGAAATATTCTTCTTCTACTATGCA
ATGTGATATCCATGAGAACTTTGTACATTGTCAAATTTCTACCTTTGTTTT
AATGnGnGCTTTGTAATAGGACTATGCCAGAAATTAATTTATAGTAAG
ATGGGTAACAACnCTTCAATTTGGAAATTTATAATTAATTAATTTATGT
AATATTATGACTTATTATAAGTCAATCTACTGTACCCTACTCCTACTAGG
AATGCAAAAGCAATAGCAATGTGATCAGCATGTGCTCTTTCAAGATCA
TATTGTGATGTTGCTGATGATGCCACAGTGCATCTATCAGATATCTCT
GATCATTTTCTTTTCTTTGCTTTTGAGAAGCCCCGGTGGTGTGGGATGC

	TTCATAGCAGGTCACCATAGACACATGTTGAGGAAAGCTGCCTCTCTC TCTTCATTCCCAAGGAACAGTAAAAGCAGAAAGGCTCTTATGTTCTAAAG AACAGAAAATAGCCTGCATTTCACCTACCTCCTGTTTCAAGGACCCGAAA CACACCACCAAGCAAGACACCCCTTTACTTTCTCCTGCTTCCCTCAATTTG ATGATCATTGGAAATAAGAAGRAAGAAAAGATGTGGAAGCCAAATTA ACAGTCTTGTCTATCTCCCTGGTGAGCTCTCAACTTCTTAGTCAGACCAA GTAGGTGAAAAATAATAATTTTTAATTTGGTATGAGAGTCATGTTTAGGC TGAATACTTAAAAAATCTTAGCATAAAAACATTTCCCTAGACCCATGA AATTTATAATATTATCTGTGGTTGAGAAAGGCTAGTTATAGAAAAATGTTT AGAATCAGAAATATTTGAGGGCTCTTTTTTGTGTTTGCCTAATCATTACAT TTGTTATAAGAAGTCTAAAAGTTGGTATGCTACAGGCTTGTGCATATTTTC TCTGAGGTTGAGTGCCAAAGTAGTCTGCATTGTGTTTAAATCCTGCTTAA TTTCCCAAGACAATATAACTTCTCAGGAGCTAAGCCAGGGCCCTTTCA GACTACCTTAGTCTCTCTCACCCTTGTCCCGTGGCTCATACATCAGAA CCTGAGGGAGCATCATGAAATCTAAGGCTTTACAACAGAACTTTCTATCC CTGGTAGAAATCTTTAACTTGGGTTTTATTCTCATGCCATTCTGATGCT CGTATTTAAATTTTATGTGTTTTTTCATATGTTCTTGCATTTCTATCGTTA AATTATGGTGACATACTTTCAAATGCTTTGTTATTTTAAAAAGGGACAAAG AGAGATAGAAAGACAGGGAAGATAGACAGAGGCTTGCTAATACAGTCAA GAAAGAGCTATCAAAAGTATTTAGCAATACAACATTTATGATATTTTCA AACTGTTAACCATTTTTAATATTCTAAAATTCACCTTTGTTTCAGAAATG TATATTAGAGAACTCTGAGAAACATTTTTTCTCATAGATGTAGAAAAACA CACAAAAAAGGTATAACACATTTAAGTGATTGAAAAAATAAAACAAAGCT TGCAAAACAGGAGGAAAGTACATTGTAGGCTTTGACATGGAGCTGCTACT AGGACCCAGGACTTGTATCATTTATTTGCCAAGTCCACAAACTCAGGG CAATACATCTCTGAGACAGTTTCTTATATTTTAAATAAACTTCCAAATTTG ATACTCAGTGTGAATTGGCTAGCTTTAATGGCAGTCAATGGATAAACAAAT CCAATGCCAAATTTCCCTAAGTTGATATATTTGATTAAATGTATATTAA ACATCAGGCTATCCATCGGTTGGATCAAATACATTCTTTAGGGATCCATT TTTTCTTAAATTTGACTTATATGTGGATTCTTTTCAATATAAATAGTAA ATGAGCATTTATTTTAAACTATTTTAGACGGAAGTGAATACAGCCAAAG TAGTCAAAATGACTGAGAATAATCACTTACATATTTACAAGGGAAAGTGAC TCTTCAGATTTAAGTTTAAATTAGAAGAGAGATAAATTCACAAGCTTTC ACTCCTAAGGCTAAGATAGGCTGTGTAGGTAGTTATTTCTGAGCACATTG GCACATCCCAATTTGTCACTTGTAGGCTTTGAATGAAGCTCAACAAAGA ACTTGGAAAGAGGTGGTCTTCTGACATCAATCAAGAAACAAGCTTTCTCT CCTACTTCTTCCCTAAATGCAACAACCTTAGAATTTCCACAAGATGGATG GCGCAAGGTTCTCAATCAATTTCAAGGTGTACATCAATGCCAGGCTAT ACTACACCGAAAGGAAGCGCATGGGTCTTAAAAAGTAAAGGGGATATCAA AAAATTCGCAACCAACAAAAAGTGGCACACATTTAAGCTAGGTCTATGTT TGGTCAGTTACACCTGGAGAAGGGGGACATTTGGTCAGCTCATTCGAACAC TGTCAAGTCTTACCAACAATTCCTCTATGCTATTACCCATTAAACCTCAGG TCTCATCGAAAAAATAAAAAA
>GR04 aa MLSAAEGILLCVVTSEAVLGVLGDT FIALANCMYAKNKKLSKIGFILIG LAISRIGVWIIILQGYMQVFFPHI LTFGNITEYITYIWVFLNHLVWFA TNLNLYFLKIANFNSVFLWLKSR VRVVFIFLSGCLLTSWLLCFPQFSK MLNNSKMYWGNTSWLQQQKNVFLIN QSLTNLGIFFFIIVSLITCFLLIVE LWRHIRQMHSDGSLRDLNTEAHVK AMRVLISFAVLFILHFVGLSIQVLC FFLPQNNLLFITGLIATCLYPCGHS IILILGNKQLKQASLKLQHLTCCE TKRNL SVT	>GR04 nt (pristine cds; 3'UTR not so hot) TGGTTCCATCAGATGACAAATAGGCTTGAAAAACTTGAGATAGAGAAGACA TAACCCCTCCAACAAGAAGCCAAACATATGGGACATCTCCAGCAGATAATT TATAACAGATGCAACGGGAGCAACTTCGAGATCTGCAAGATGCTGAGTGC ACCAGAAGGCATCCTCCTTTCTGTTGCTACTAGTGAGGCGAGTCTGGGGGT TTTAGGAGACACATTCATTGCACCTTGCAAACTGCATGGAGTATGCCAAGAA CAAGTAGCTCTCTAAGATTGGTTTCATTCTCATTGGCTTGGCGATTCCAG AATTGGTGTGATGATAATAATTTACAGGGGTATATGCAAGTATTTTT TCCACACATACTTACCTTTGGAAACATACTGAATATATTACTTACATATG GGTGTTTCTCAATCACTTAAGTGTCTGGTTTGCTACCAACCTCAATATCCT CTACTTTCTAAAGATAGCAAAATTTTCCAACTCTGTATTCTCTGGCTGAA AAGTAGAGTCCGTGTGTTTTTATCTTTCTGTCAAGATGCTTACTTACCTC GTGGTACTATGTTTTCCACAAATTTTCAAGATGCTTAACACAGTAAAT GTACTGGGGAACACAGTCTTGGCTCCAGCAGCAGAAAAATGCTCTCTTAT TAACCAAGTTTAAACCAATCTGGGAATCTTCTTTTTCATTATTGTATCCCT GATTACCTGCTCTCTGTTGATTGTTTTCTCTGGAGACACATCAGGCAAA GCACCTCAGATGGTTCAAGACTCAGAGACTCAACACAGAAGCTCATGTGAA AGCCATGAGAGTTCTAATACTTTTGGGGTACTCTTATCTGCTGCTGCTGCT AGGTCTTTCCATACAAGTGTATGCTTTTTTCTGCCACAAAAACCTACT CTTTATAACTGGTTTGATAGCCACATGCCTCTATCCCTGTGGTCACTCAAT

	CATCTTAATTCTAGGAAACAAGCACTCTCTCAGCCTCCTTGAAGGCACCT GCAGCACTTAACGTGCTGTGAGACAAAAAATCTCTCAGTCACATAAAT GGCTTTGCCAATTAATATCTGCCATGTTATCCACTGATTTTACCTGTTA GTTTCTCTGTCTCTGTCTTAGTTTCTGTTTCCATGATCTGTCATTGATG AGCGTGGGCTGTTGAAATCTCCSACTATTGTTGTGTGAGATGAAATGTGTG CTTTGAGCTTTAGTAAGATTTCTTTTGTGAATGTAGGTGCTTTGCAATTTG GTGCATAGATATTTAAGATTGAGAGTTGAGCTTGTTGATTTTCTTTTGA TGAATATGAAGTGTCTTGTCTTATCTTTTGTGATGACTTTGATGAACTG CAATTTTATTGGATATTAGATTGCCAATCAAGATTGCTTCTTGAGGTGAT TTGCTTGGAAGTGTGTTTTCAGCCATTTACTCTGAGGTAGTGTGTCTCTT TGTCTCTGAGGTGTGTTTCTGCAATTCAGCAAAATGCTGGGTCTCTTTAC ATATCCAGTTTGTAGTCTATGTCTTTTATTGGGGAATTGAGTCCATTGA TGTGAGAGATATTAATGAATAGTGTGATGCTTCTGTTATTTTCTGTTG TTAGATGTGGAATTTATGTTGTTTGTCTCTTTTGGTTTATTGCAAGGA AATTATATACTTGTCTTCTGTATGGTGTAGTTTCTCTCTTGTGTTGCACT TTTCTCTCTATTATCTTTGTAGGGCTAGATTGAGAAAGATATTGCATA AGCTTGGTTTTGTGATGGGATATCTTGGTTTCTCCATCTATGTTAATTGAG AGTTTTCAGGATATAGTAGCCTGGGATGACATTTGTGTTCTCTTAGGGTC TGTATGACATCTGTCCAAATCTTCTGGCTTCATAGTCTCTGGTGAGAAA TCGGATGTAATCTCATAAGTCTGCCATTATATGCACTTGACCTTTTCTCC CTTATTGCTTTTATGTTCTTCTTTGTTTGTGCAATTTGGTGTCTGATT ATTATGTGATGTGAGGTATTTCTCTTCTGGTCAAACTCTATTGGAGTTCTG TAGGCTTCTGTATGTTTATGGGCACTCTTTCTTTAGGTTATGGATGTTT TCTTCTATAATTTGTTGAATATATCTACTGTCCCTTTAAGTTAGGAGCCT TCACTTTCTCTATACCTGTTATCTTCTAGGTTTAACTCTCTCACTGGATT CCTCGATGTTTGGACTAGGAACCTTTTGTGCAATTTACATTATCTTTGACAG GTATTTCAATGTTTCTATGGTATCTTCTGCCACTGAGATCTCTCTCTTA GCTCTGTATATAAGTTTGGTGTGCTTGTACCTGTGACTCCTGTTCTCTCC TTAGGTTTCTATCTCCAGGGTGTCTCCCTTTGTGCTTTTATTGCTT CTATTTCCATCTCTAAATCTGGATGTTTGTGTTCAATCTCTCACCTCTTT GGTGTATTTCTCTGTAAATCTTTCAAGGATTTTGTGTTTCTCTCTTAAAG GGCTTCTACTTGTGTTTACTTGTGTTGTCTGTATTTCTTAAAGGTAGTTATT TATGTCCTTCTTGAAGTCTCTCATCATTATCAAAAAATGTGATTTTAAAT ATAAACCTTGCTTTTCTGGTGTGTTTGGATGTCAAGTATTTCTTTGCTGG GAGAAGTGGGCTCTGATAATGCCAAGTTGTTTGAATTTCTGTTGCTTAGTTT CCGTGTCTTGGCTCTGGCAATGGGTTTCTCTGGTGTGTTGCTTATCTTGC TGTCTCTGAGAGTGGCTTGACACTCTGTAGGCATCTGTGTCAGGCCTCT GTAGAAGTGTCTCCCTGTTTCTTTTCAGCCTTTCTGAGAACAGGTGCTCT GATCTCAGGTGTGAGGCATCTCTGGTGAATCTTTTCAGCTTTAGGAGCA GGCAGGAATCAGAAGGCTCTCTGCTGACTGCTCTCTAGATCTTGCACCC AGGGGGCACAGTTAGCACTAGGCAATCTCCCTCTTGTGTAGGGAATGTGGGT AGAGGATAGTCCCTCTGATTTCTCAGGAATGTCTGCACTTCTGAAAGTCC AGCCCTCTCCCCACAGGATTTAGGTGCAGGGAGCTGTTGACCACTTCAA TTCAGTCTGGGTGTAGACCGAACCACAGGTAAAAAGAATGACTTCAATT AAATTAGCAGACAAATGGGTGGAACTAGAAAAATGTCTCTGGGCTGGAG GATGGCTCAGTGGTTGAGACCACTGGCTGCTCTTCCAGAGGTCCTGAGTTCT AATTCCCAACAACTATATGGTGGCTACCAACCAATTACAATGAGATCAGATG CCTCTCTCTTGTGTATCTGAAGAGAGTGACAGTGTACTTACATACATAAAA TAAATAAATAAATCTAAAAAATGTTAAAAAA
>GR05 aa MLGAMEGVLLSVATSEALLGIVGNT FIALVNCMDCTRNKLNLYNIGFILTG LAISRICLVWILITEAYIKIFSPQL LSPINIIEELISYLWIITSQNLNVFA TSLSIFYFLKIANFESHIFLWLKRR INIVFAFLIGCLLMSWLFSPVVK MVKDKKMLYINSSWQIHMKXSELI NYVFTNGGVFLLFIIMLIVCFLLII SLWRHSKWMQSNESGFROLDNTEVHV KTIKVLFSFIILFILHLIGITINVI CLLVPENLLFVFGLTIAFLYPCCH	>GR05 nt AAGAGATTTGAGATACTACCACAAACATTTTAAATATATGTAAGTCTTT AAAGAAAGAAGGGAAGCCACTCCTTTATTGAGCAGCCAAATAGATTGCCAT CTTAAAAATCTGTGGCAGAAGCTATTTTAAAGATCTGCGAAGATGCTGGGT GCAATGGAAGGTGCTCCTCCTTCAGTTGCAACTAGTGAGGCTTTGCTTGGC ATTGTAGGGAACACATTGCTGCACTTGTGAAGTGCATGGACTGTACACAGG AACAGAATCTCTATAATATTGGCTTCACTCTCACTGGCTTGGCAATTTCC AGAATCTGCTCTGTGATCTTAATCACAGAGGCATACATAAAAAATATTC TCTCCACAGTTGCTGTCTCTATCAACATAAATTGAAGTCACTGATGTTATCTA TGCATAAATTACAGTCAATTGAATGTTTGGTTTGTCTACAGGCTCAGTATC TTTTATTTCTCAAGATAGCAAAATTTTCCACACATAATTTCTCTGTTTA AAAAGAAGAATTAATATAGTTTTTGCCTTCTGTAGGGTGTCTACTTATG TCATGGCTATTTCTTTCCAGTGTGTGAGATGTTTAAAGATAAAAAA ATGCTGTATATAAACTCATCTTGGCAATCCACATGAAGAAAGTGAGTTA

SLILILANSRLKRCFV QQLMCS EKGKEFRNT	ATCATEAACTATGTTTTTACCAATGGGGG ATGTTAAITGTAATGTTTCTCTTAATTAT TGGATGCAATCAAAATGAATCAGGATTGAGAGTCTCAACACAGAAGTTCAI GTGAAAAAATAAAAGTTTTATATCTTTTATTATCTTTTATATTGCAI TTAAATTGGTATTACCAATCAATGTCATTGTCCTGTTAGTCCCAAGAAATAAC TTGTTATTCTGTTGTTTGGTTTGACGATTGCATTCTCTATCCCTGCTGCCAC TCACTTATCTTAATTCTAGCAACAGCCGGCTGAAACGATGCTTTGTAAGG ATACTGCAACAAATTAATGTCCTCTGAGGAAGGAAAGAAATTGAGAAACACA TGACAGTCTGGAAGACAAACATCAGAAATAGTAAGTGAAGAAAAA AAAAA
>GR06 aa (partial) EALVGILGNAFIALVNFMGWMKNRK ITRIDLILSSLAMSRICLQCIILLO CIILVQYPTYNRGKEMRIIDFFWT LTNHLVWFATCLSIFFFKIANFF HPLFLWIKWRIDKILRLTLLACLIL SLCFSLPVTENLADDFRRCVKTKER INSTLRCKLNKAGYASVKVNLNLVM LFPFSVSLVSFLLILSLWRHTRQM QLNVTGYNDPSTTAHVKATKAVISF LVLFIVYCLAFLIATSSYFMPSEL AVIWGELIALIYPSSHSFILILGNS KLKQASVRVLCRVKTMKGRKY	>GR06 nt (5'-truncated) GTGAGGCTTAGTAGGAATCTTAGGAAATGCATTGATTGCTGTAAGT TCATGGGCTGGATGAAGAATAGGAAGATCACTGCTATTGAITTAATCTCT CAAGTCTGGCTATGTCAGGATTGTCACAGTGATAAATCTATTAGATT GTATTATATTGGTGCAGTATCCAGACACTTACAACAGGGGTAAGAAATGA GGATCATTGATTCTCTGGACGCTTACCAACCATTTAAGTGTCTGTTTG CCACTGCTCTCAGCATTCTTCTATTCTCAAGATAGCAAACTCTCTCCATC CTCTTTCTCTGGATAAAGTGGAGAATTGACAAGCTAATTCTGAGCACTC TACTGGCATGCTTGATTCTCTCCCTATGCTTTAGCCTCCCACTCACTGAGA ATTTGGCTGATGATTTGAGACGCTGTCTCAAGACAAAGAAAGAAATAAAT CTACTCTGAGGTGCAAAATTAATAAAGCTGGATATGCTCTCTCAAGGTAA ATCTCAACTGGTGCATGCTGTTCCCTTTTCTGTCTCCCTGTCTCATTC TTCTCTGATTCTCTCCCTATGGAGACACACAGGACAGATGCAACTCAATG TAACAGGGTACATGATCCCAAGCACACAGCTCATGTGAAGGCCACAAAAG CAGTAATTTCTCTCTGAGTCTGTTTATTGCTACTGCTGGCCTTTCTTA TAGCCACTTCCAGCTACTTTATGCCAGAGAGTGAATTAGCTGTAATTTGGG GTGAGCTGATAGCTCTAATATATCCCTCAAGCCATTCAATTAATCTGATCC TTGGGAACAGTAAACTAAAAACAGGCATCTGTAAGGGTCTTTGTAGAGTAA AGACTATGTTAAAGGGAAGAAATATTAGCATCATGGATATATTTGAAGAA AACTATCACTGTCTAAAGAAAAAGGATGACAAATCATTATCTTTCTATTCT TATATGAATATTGCTTTTCATGCGGTAAACATCTTTTAACAACTTAAATCAA ATGTTGGGAAATCTCATATACAGCAACTTTGCAATGCTCTCTGCTATTTC CCTCTCCCTTTGTACATAGTTGACATAAAAAAGAAATTTTCATGACAAAT TGTAATAAATAGCTACAGAGGCAGCACATTTTCATAGTAAGTTCTGAATCA CTCTTCCAAATGCAAGCTGCTGACAAATTCAAAACAACTGTAACAGTAT TTCACTGCTGTTTGCATTTCTTGGAAAAGCAGGTGGTTGTTCTATGACC TGACTTGGAGTTTTCTTCTTACATCACTG
>GR07 aa MGSSLYDILTIVMIAEFFFGNVNNG FIVLNCIAWLKSKRILSFIGWQLF LAISRVLWELMLAWLKYMKSFS YLAGTELVRMMLTWVSNHFSWL TILSIFYLLKIASFSRPVFLYLKWR VKKVLLILLGNLIFLMFNILQINT HIEDWMDQYKRNTWDSRVNEFVGF SNLVLEIMFVSVPFTVALVSFIL LIFSLWKHLQKMHLSRGEROPSTK AHVNALRIMVSFLLLYATYFISFFI SLIPMAHKKGLDLMFSLTVGLFYPS SHSFILILGHSNLRHSSCLVITVLR CKEKO	>GR07 nt CAGTAGCAAAATTTTACTATGTTTATTGATATTATGTCAGGACACTACGTA AGAAGGAAGACTTGAAAGAAAGCTTATCTGAGTTTTTAAGAAATACATGGAC ATTTCACTTGGCAATGACGAGCTGTGAATTTTGTCTATGACATGGG AAGCAGCTGTATGATATCTTAATATTGTCATGATTGACAGTTTATATT CGGAAATGTGACCAATGCATTATAGTGTCTGACAACTGTATTGCTGGCT CAGTAAAGAACTCTTTCTTTTATTGGTTGGATCCAGCTTTTCTTGGCCAT TTCCAGAGTGGTTTTGATATGGGAAATGTTACTAGCATGGCTGAATATAT GAAGTATTCAATTTTCAATTTTGGCTGGCACAGAAATAAGGGTTATGATGT GACCTGGGTAGTTTCCAATCACTTTAGTCTCTGGCTGCCACCATTTCTAAG CATCTTTTATTGCTCAAAATAGCTAGTTTCTCCAGACCTGTTTTCTGTA TCTGAAGTGGAGAGTAAAAAAGTGTCTCTGCTGATTCTCTCGGAAATTT AATCTTCTGATGTTCAATATATTACAAATCAACACTCACATAGAAGACTG GATGGATCAATATAAGAGAAATATAACGTGGGATTCCAGAGTGAATGAATT TGTGGGGTTTTCAAACTGGTTTTATTGGAGATGATTATGTTCTCTGTAAC ACCAATCACCTGCTGCTGCTCTCTCTCATCTGTTAATCTCTCTTTATG GAAACATCTCCAGAAGATGCATCTCAGTTCAGAGGGGAACGAGACCTAG CACAAAAGCCCATGTGAATGCCCTGAGAATTAAGGTCTCTCTCTTACT CTATGCCACTTACTTCAATCTTTTTTATATCAATTAATCTATGGCACA TAAAAAGGACTAGATCTTATGTTTAGCCTAAGTGTGGACTTTTCTAGCC TTCAAGCCACTCATTTATCTTGATTTTGGGACATTCTAATCTAAGGCATT CAGTTGTCTGGTGATAACCTATCTGAGATGTAAGGAAAAGGATTAGAAAT CACTATTCCATAGGCGAGTTAAACCACATGCTATTAGGTATACCTAGTGCT AGATCCCTAGGCAAGCATTAAACATAAAAATATATAATTTCTAGATTCTTC TATTTGTGATAAACCACTCACTTGAATAATGCTAAAGTAGCGTGATGTTG TATATAAGTGTAGAAATAAATGTAATTAATTAGTTTAGGCACAATAACA

	TATGTCTACTAAGTAAAACTAGGCAGGCTTACACGCATATTAGAATCC AGGCTGAGGTATATAGACTCAAGAAATATCTGGGAATAAAGATTTTAAATTT TCATTCTATTGTGAGTTATGTGAAATCAATGCCATTAAAGGCATACACAAG ATTTTTCACACACTGAAACAACCTTCTTGCAATTTGTCAATTTGTTGGAAG TAAATTGGAGATAAACTTAATATCAATAAATTACAAAATGTAACATATAAC AGGGTGATTAAAAATTAGCCTCTAGGTCTGGGGAAATGATTCAAGTAAAG TGCTTTCTTTTCAAAATAGGAGAATCTGATTGTAATCATCTAAAAGCTGG CATAAATGTCAATGAAAATTGTATGTAATAATAGCTATGGCAAGAGCA CCAAAGAAAAGAAAATTTTGCCTTTGAAACCCAGTAATTGATATCCTTTA AAAAAGCAGTTACATATTTTCTGTTTAAAGATTTGTCAAAGGGTAGCTTT GACAACTAATATAAGCTGAGGAAGGTAGCAAGTGTGAAGTCAGCTAATGGG GTCAGTCAAGTGCTGTAGCAGCAGATGGAGGCCACTGCTGAATTTAGCAG GCAATTTACAGGGTGAGCACTGCTAGTGCTGACAGAAGAAAACTCTGAAA TTTTAACTCTTTAGGGTCTGGTGAGAAAAGAAAAGAGAGAAAAATCGCATAT ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATA TCATGGAAGCTCAACAAGTTGACTCAACAACCTTTATGATGTTTTAGGC CCTTTTATTTTAAATGTCAAGTAAATAGGTGTGGTACAGCAATATTGCTACT TTTAAATTCAAAGCAGTTGTTTTATATATTATTCAATATATAAGCTAATTA TAAGTTTAAATCAAAAGGTTTTATTTGTCCATGATTTTACTTTTATCATTGGG CACACCTGTGCTCTCATCCTTGGGCTTGACCTAGAATGAAAGTTATCCTT GATCATATGTCTGTCAAGAGCTACTTCTCTCTATAGTAGTTTATGTAC TTACAATATACAAAAGTTTTATTGAATTCCTTTATCACTTATSCAGCCTTT TCTTACTATTCTATTCTATTCTATTCTATTCTATTCTATTCTATTCTATTCT TATTCTATTCTATTCTATTCTATTCTATTCTATTCTATTCTATTCTATTCT ATTCTGGCAAAACAACCTTATATCATCTCCTTAATTATTTTCAATTAAT CTAACATCCTGAAGTTATTTAAATCTAATATAAGGACTCTGTAAAGTCACA AATTTATTTTACTTCAAAAATTCATTATTTTATGGAACTCCAGCATTGC CTGGGCCAGGAGTCACAAGAGTTCAGAGTTGAGCTTTATTGGCATCTGCCT GGCTAACTGAAGGATCAGTTTTCTGTGTACAATAATTTGTGTATCTCTTT TGATGCAAGATATGAAAAATAATTTCAAGTCTAAAAGTGTCTTTAAATTTGA AACTCTCTGGCCAGAACTCAACTATTGATGACCAGTTTGCACCATGGACTC AGTGTCTTCTATTGCTTTAAATAAGCAACATCTTGAATGCTTTTCTGTG TATTAGGCAAAATAATTAACAACATGTTTCTATGATGCTCTCAATAACAATA CTATATTTCTCACAGTTTTTAATTTTATGGCAAGTTGGCTAATAAGAAAT TTTTTCAAATTTATCAACGTGAAGAAAACCTTGACATTTTATTTTATGGAG ATTCTAAATGTTTTCTTAGCATATTGCTTTTACTAAGTGTATTTTATC ATGTTTTGGTAGTATTTCTAAATTTTCTTTTTTCTAAGTATGTTATGTAG TAACACCAGGAGAAATGAAACAAATGACATTTATACTAAGGATGTGACAAAT AAGGCCCAAAGAAAGTTTTGAAAATCATGATCTCATTCTTCTTCTTTA TTAAGTATAGCATAAGCAAAATTTCTGATGGTGGTCTTGGCCCATATCTTG AACACAGTGTAGTGGTGAAGACTTTTTCAATATTATGTCATATTTGTACC CATCTCTGTACCTATTTCTTCTGATTTCTAGGAAAAAATGAGGAAGGGT TTGTTTGTGTGCTGGAGCAGCTGAAGTGGACCAAGGGCAGGAATTTCTCTC TGTTCCGTCTAGTGTGACTGATGATGCTCTCATTTGAAAAACAGGAAGAAG AAGAAAGACTTTATATGCACCATTCAGTCTTCCCTCTCTACATTCCACC TCCCTCTTGAAAGAGTGTCTATCTATATAGATATAGCTATCCTGAAATCCA TTAAGTAGACCTGACTGGCTTAAATCTCACAGAAATTCACCTACCTTTTCC ATGATTGCTGAAATTAAGACATGTGCCGACATATTGGGCACATTGAGACC TTTTGCCAAGTGTCTTCAACTCATTGGACCTACTGAGAAGTATTCAAAA TATTTGGTTGTTTTAAATAAAGGAAAGTGGGTCTATATTACTTGAATTTGG ATAGAGAAATTTTCACTTACAAGTGATATTGAAAATGGGGGAGAAATGATT TTAGCATAAAGCAGAACACAAAGCAATTCTTGTAAAACTTTATCGATA AATTGGATAAATGTTAAAAAGAAAAATAAATATACGAACTATTATGAA AAAAAAAAAAAAAAAA
>GR08 aa MEPVIHVVFATLLIHVEFIFGNLSNG LIVLSNFDWVVKRLSTIDKILLT LAISRITLIWEMYACFKIVYGSSSF IFGMKLQILYFAWILSSHFSLWFAT ALSIFYLLRIANCWKIFLYLKWRL KQIVIGMLLASLVFLPGILMQRTLE ERPQYQGGNTSEDSMETDFAKFTEL	>GR08 nt CTGCAGGTTGGTGATCCAGTAATGAGCAGCACTGTTATATCTCAGGCTTTT TAAGATCATGGAAACCTGTCAATCAGCTCTTTGCCACTACTAATACATGT GGAGTTCAATTTTGGGAATCTGAGCAATGGATTAATAGTGTGTGCAAACTT CTGGGACTGGTCTGTTAAACGAAAACCTTCCACAATTGATAAAAATCTTCT TACATTGGCAATTTCAAGAAATCACTCTCATCTGGGAAATGATGCTTGT TAAATTTGTATATGGTTCATCTTCATTATATTGGGATGAAGTTACAAAT TCTTTAATTTGGCTGGATCCTTCTAGTCACTTCAGCCTCTGGTTTGGCAC AGCTCTCAGCATCTTTACTTACTCAGAAATAGCTAAGTCTCTCTGGAAGAT

ILFNMTIFSVIPFSLIFLLIF SLWKHLQKMLSSRGHGOPTKAHR NALRIMVSPFLLYTSYFLSLISWI AQKHHSKLVDIIGIITELMYPVSHS FILILGNSKXLQTSLSWLILSHLKRL KGENILTPSGNFIN	CTTCCTGTATCTGAAATGGAGACTTAAATGATTTGTGGGATGTTGCT GGCAAGCTTGGTGTCTTGGCTGGAATCTGATGCAAGGACTCTTGAAGA GAGGCCCTATCAATATGGAGGAAACACAAGTGAGGATCCATGGAAGCTGA CTTTGCAAGTTTACAGAGCTGATTCTTTTCAACATGACTATATTCTCTGT AATACCATTTTCATGCGCTTGATTCTTTTCTCTCTCTAACTCTTCTCTT GTGGAACATCTCCAGAAGATGCAGCTCAGTTCCAGAGGACATGGAGACCC TAGCACCAAGGCCACAGAAATGCTTTGAGAATTATGCTCTCTCTCTCTCT GCTGTACACTTCATATTCTCTGTCTCTCTTATATCATGGATTGCTCAGAA GCATCACAGTAAACTGGTTGACATTATTGGTATTATTACTGAACTCATGTA TCCTTCAGTCCACTCATTATCTGTATTCTAGGAAATCTAAATTAAGCA GACTTCTCTTTGGATCTGAGTCAATTTGAAATGTAGACTGAAAGGAGAGAA TATTTAACTCCATCTGCAAAACCAATTAAGCTGTTATATATTCTGTA TTGCAAAACAAATCAGTGAGTTAGTGGTTCAAGGATTCCATCTTGGCTTAT TGTATCATGGAAGTCATATAGGGAGAGGCTGAACAAGCTATCTTCTGTAAA TTGGCAAGGGTTGCATATAGTACTGGTACTGGGACACCATCCAAACCATAAA ACCTTCTAACCATACCTACCTGACTGCAAGATATGCTGGGACAAATGGTGG CTCAGAGATTTTGGGACTGGCCAAACCAATGTCTATTCTTTCTTGAGGCTCA CTCAATAAGGAGGCCATGCCCAACTGCTCTGGATGGCCAGGACCCAGAAAT CTCTGATGGSCCAATGATCTATGGNAGAACCAGCATTACTGGGAAAAAAG AATAATCACTTTGATGAATGGTCAAAATTTTCTAAATATATTCTGATACA CTTGATACATCTTCTCTTTCCCAATCATCATCAGGGACTTCTCCCCAG CACCTGATGGGAAACAGATACCAAAATCTACAGCCAAATACTAAATGCAGGT TGGGGAACCTCCACAAAAGACTGGGAAGGAAGTACTGTGAGAGCCAGAGTGGT CCAGAACACTAGGAGAACACAGAACATCGAATTAACCTAAGCAGCACTATA GGTTAATGTAAATTAAGCAGCAGTCACATAGACTGCACAGGTGTACTCT AGATCCTCTGCATATATGTTGTGGTGTCTAAACTTTGGGAGTTTGTGGAC TAATAACAAATGTGAATAAGTAAGTCTCTGACACTTATCCCGCTCTTGGAA CCCTTTCCACATTTTGTATTGTCTTACCACCTTGATATGAAGGTTCTGTA ATAGTCCAAAAAATTTTAAAAAATTTTAAAAAATTTTAAAAAATTTTAAAAA
>FGR09 aa MLSPAEGLLSIATVEAGLVGLNT FPLVNCMDWAKNKKLSKIGFLLFG LATSRIFIVWILILDAYAKLFFPGK YLSKSLTEIISCIWMTVNHMTVWFA TSLSIFYFLKIANFISHYIFLWLKRR TDKVFAPLLWOLLISWAISFSFTVK VMKSNPKNHGNRTSGTHWEKREFTS NYVLINIGVISLLIMTLTACFLII SLWKHSRQMQSNVSGFRDLNTEAHV KRIKFLISFIILFIFYFIGVAVEII CMFIYPENKLLFIIFGLTTASVYPCH SVILILTNSQLKQAFVKVLEGLKFS ENGKDLRAT	>FGR09 nt GGACACTGCAGCAGATCTGCTATAGAATAACAGATACAAACATAGCAACCT GCAGAGATGCTCAGTGCAGCAGAAGGCATCTTCTTTCCATTGCAACTGTT GAAGCTGGGCTGGGAGTTTATGGGAAACACATTTATCCCTCGGTTAACTGC ATGGATTGGGCCAAGAACAAGAAGCTCTCTAAGATTGGTTTCTTCTCTTT GGCTTAGCAACTTCCAGAAATTTTATTGTATGGATTTAACTTTTAGACGCA TATGCAAGCTATTCTTTCCGGGGAAGTATTGTCTAAGAGTCTGACTGAA ATCATCTCTTGTATATGATGACTGTGAATCACATGACTGTCTGGTTTGGC ACCAGCCTCAGCATCTTCTATTCTTCAAAATAGCAAAATTTTCCCACTAT ATATTCTCTGCTTAAAGAGGAGAACTGATAAAGTATTGCTTCTCTCTG TGGTGTATTATTAATTTTATGGGCAATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT ATGAAGAGCAATCCAAAGAATCATGGAACAGGACCACTGGGACACATTGG GAGAAGAGAGAAATTCACAAGTAACATATGTTTAAATCAATATTGGAGTCAAT TCTCTCTTGTATCATGACCTTAACATGATGTTTCTTCTTAAATTAATTCACCT TGGAAACACAGCAGGCAGATGCAGTCTAATGTTTCAGGATTCAGAGATCTC AACACTGAAGCTCATGTGAAAGCCATAAAATTTTAAATTCATTATCATC CTTTTCATCTTGTACTTTATAGGTGTTGCAGTAGAAATCATCTGCATGTTT ATCCACAGAAACAAACTGCTATTATTTTGGTTTGCACACTGCATCCGTC TATCCCTGCTGTCTACTCAGTCATTCTAATTTCAACAAACAGCCAGCTGAAG CAAGCCTTTGTAAAGGTACTGGAGGGATTAAAGTTCTCTGAGAACGGAAAA GATCTCAGGGCCACATGAGTCTGGAACAGAAATGGGTAGTCTGGAATAATT GTAAGGAAGTCGTAGAAGGTCTTTTTCATTGTACAGTGTCTTACCTTGT TTTTGAGGAGATGTAACTTTTTTATTTTATTTTATCTCTATGTGAATA AGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT GTGTGTGTAGGAGGTTTAAAGAGGGAAGAGGGAATAGAGGTATGTTGGTGT TTAACATGGATATTACAGGCCAAGGAATGTTCTCTCTCTTTTACCTTAG GGTAGTGTCTTTGTGGCTGTCTGTGACAGTCTACACTAGTTGAACATAA GAGCTTTTAGCCAGTTCACTTGTCTAAACCTCCCTTCTCATGGTAGCAGTG TTCTGATTACAGAATCATGCTGTACATACAGCTTTTAAACAGGTTCCCA TAGACAGAAATTCATGTCAAACGGAATGCACAGCTGTCACTCTTACCACCG ATCTCTCTTGGCAGCCCATTCCTATTGACTTTAACTGTAGTATTAAACTT TACTGAAATCTTCTGCAACCACTGTGACTATGTCTCTTGAAATCACATGAT ATGGTGGAAATTTAATGCGATGTGAAATTTGTTTGTTCAGTTAGTTCTCT ACTCTGCCAAATCATCTCTTACACTTGGCAGAAAAAACCCTCAACTGTA

	GACTATTTTGTGTAAGACTAATACAGATATAAGTATCTTAATCAAGH TGTCTATTGTGATTATCCTAATTTCCCCAGTACTGGTTCCCTTTCCCCAG AAAGACTCAGAAAGGAACTGAGGCAACAGTTGTGGTCAGTCTTGATATTT ACCAAGTTGAAACTGAAGAACAGTGTTCCTTTCTGTTCACTTTTACTACTT ACAGTTACTTTATTTTCATCCATTAAATCCCAAAGTGTATTATAAGTAGA TATTTGATGAAGCAACATGTTATAAGAGTGGATGTGGATCTATGACAAA GATCTAGAGAAAACAGACTATTTGTGAAAGATGGATGAAAGCCCTGATGAAA GGATTCTTCATGGTCTTTGACCCCAAGGAGTTTGAATCAAGCAGCCACA GATCAAAGAGAGCTGAGAAGAGGTTCTCCTGAAGAAAATATCCAAACACAT GGTGCCAGCCAAAGCAGAAAATAGTGGACAATTCACTCCAGGACCTGAATG AGGTAGACAATGTCTGTTAAGGGTTGGAACAAAATATATAGATATGGTCAT TCATATACAGAAAACCTACAGGCGTGTGAACTCTTGGTTCTCAGTAATC AATTCTTAAATCTTTTTTGAATGGATTTTTTATCATCTATGATCTCT CAGCAGAGTCTGCAGGGGCTAAGAGACACACTAAGAGTATCTGGAGGGGG AGTGTCTTCTGCTCTATCAACCCCTAAAGTCATATATAACAATACAAAAT TCCACATTAGTTAAGTTCTTTTTTTTACATCTTTATTAATTTGGTATTTTC TTATTTACATTTCAAATGTGATTCCCTTTCTGGTTTCCAGGCCAATATCC CCCTAACCTCTCCCTTCTATGTGGGTATTCCCTCGTCCGAATTC
>rGR10 aa (partial) MFLHTIKQRDIFTLIIFFVEITMG ILGNFIALVNIWDIKRRRISSVD KILTTLALTRLIYAWSMILIFILLFI LGPHLIMRSEILTSMGVIVVNNHF SIWLATCLGVFYFLKIANFNSLSLFL YLKWRVYKVVLM	>rGR10 nt (3'-truncated?) CCCGGGCTGCAGGATTCCGGCAGGAGAATGAAAACCTTTGCTCTACTATTTT GCTGTTCTGTGATACACAGACCATAAAACAATCGAGCCAGGGATCAAGA GCTGAAACCTCAGAAAGTGGGAATCAAATTTCCCTTCCTGATAGGTTAGCTT ATGAGAATTCAGCATCTTATTCACCTTCAGAAAATTTGGATATAAGATACAG TGTCTGGATGAAGCCGAATTGATCTATTTGGGGAGAAAAACGCCAACATT TATAATAAGGTTTTATGAGACAGTTCCTGGGAAATTTGGATATTTCTAGT TAGTAATGTGTAAATGGGATTTTAAACATGATTATTTGTATTTTAAACA ACCAACATGAGGAGCTTTTAAATGCCACTTAGACATTATAAACTGAAGCA TGTCTTACACACAATAAAGCAACGTGATATTTTACTTTGATAATCATAT TTTTTGTGCAATAACAATGGGAATCTTAGGAAATGGATTATAGCACTAG TGAACATTGTGGACTGGATCAAGAGAAGAAGGATTTCTTCAGTGGATAAGA TTCTCACTACCTTGGCCCTTACCAGACTCAITTAATGCGTGGTCTATGCTCA TTTTTATATTGTTATTCACTCGGGCCCGCATTTGATTATGAGATCAGAAA TACTTACATCAATGGGTGTTATCTGGGTGGTGAACAATCACTTCAGCACT GGCTTGTCTACATGCCCTGGGTGTCTTTTATTTTCTCAAGATAGCCAATTTT CTAATCTCTTTGTTTCTTACCTAAAGTGGAGAGTTAAAAAGTGGTTTTAA TG ... poly(dA)???
>rGR11 aa GSGNGFIVSVNGSHWFKSKKISLSO FIITSLLAFRIFFLLNIIFFDSLIIV FSYHAHDSGERMQLDVFWTFTHF SIWLISCLSVFYCLKIATFSHPSEFL *LKSR	>rGR11 nt GGATCCGGAAACGGTTTTATCGTGTCTCAGTCAATGGCAGCCATTGGTTCAAG AGCAAGAAGATTCTTTGTCTGACTTCATCATTACAGCTTGGCCCTCTTC AGGATCTTTCTGCTGTGGATCATCTTTACTGATAGCCTCAATAGTGTTC TCTTACCACGCCCAAGCACTCAGGGATAAGGATGCAACTTATTGATGTTTT TGGACATTTACAACCCACTTCAGTATTTGGCTTATCTCCTGTCTCAGTGT TTCTACTGCCCTGAAAATAGCCACTTTCTCCACCCCTCATTCCTGTAGCTC AAATCTAGA
>rGR12 aa MLSTVSVFMSIFVLLCFLGILANG FIVLMLSREWLWRGRLLPSDMILLS LGTSRFCQQCVGLVNSFYSLHLVE YSRSLARQLISLHMDFLNSATFWFG TWLSVLFCKIANFESHAPFLWLKWR FPALVPWLLLSILVSEIVTLMFFW GNHTVYQAFLLRRKFSGNNTTFKEWNR RLEIDYFMPKLKLVTTISIPCSLFLVS ILLINSLRRHSQRMQHNHSLQDP NTQHSRALKSLISFLVLYALSYS MVIDATVVISSDNVWYWPQIILYL CMSVHPFILIITNNLKFRGTFRQLLL LARGFWVT	>rGR12 nt GTGTGAGGGAAGTGTGGGTAGGGGCTGGGAGGAGGCCAGGAACCAAGGCAAC CAGTGGTGACAGGAGGGGCTGAAATGCTATCAACTGTATCAGTTTTCTTCA TGTGGAATCTTTGTTCTGCTCTGTTTCCTGGGAATCCTGGCAACGGCTTCA TTGTGCTGATGCTGAGCAGGGAATGCCATATGCCCGGCTAGGCTGCTCCCT CAGACATGATCTCTCAGTTTGGGCACCTCCCGATTCTGCAGCAGTGGG TTGGGCTGGTGAACAGTTTCTACTATTCCTCCACCTTGTTCAGTACTCCA GGAGCCTTGGCCGTCAACTCAITAGTCTTCACATGGACTTTTGAATCAG CCACTTTCTGGTTTGGCACCTGGCTCAGCGTCTGTCTGTATCAAGATTG CTAATCTCTCCCATCCTGCCCTTCTGTGGTTGAAGTGGAGATTCCAGCAT TGGTGGCTTGGCTCCTACTGGGCTCTATCTTGGTGTCTCTCATCGTAATC TGATGTTCTTTGGGGAACCAACTGTCTATCAGGCATTCTTAAGGAGAA AGTTTTCTGGGAACCAACTTTAAGGAGTGGAAACAGAGGCTGGAATAG ACTATTTCTAGCTCTGAAACTTGTCAACAGCTCAATTCCTTCTCTCTTT TTCTAGTCTCAATTTTGGTGTGATCAATTTCTCAGAGGCAATTCACAAA GAATGCAGCAATGCTCAGAGCTTGAAGACCCCAACACCCAGGCTCACA GCAGAGCCCTGAAGTCACTCATCTCATTTCTGGTTCTTACGGGCTGTCT

	ATGTGTCCATGGTCATTGACGCTACAGTTCATCTCCTCAGATAACGCTGT GGTATTGGCCCTGGCAAATTATACCTTTACAGTGCATGTCGGTACATCCAT TTATCCTTATCACTAATAATCTCAAGTTCCGAGGCACCTTCAGGCAGCTAC TCCTGTTGGCCAGGGGATTCTGGGTGACCTAGAAGGTTTGGTCTCTTTATC TGTACCTTTGAAGAGACTTAGGTGAGGCTGACTTCCCTTGGGAAGTGATCT CATCTACATGGAAATGTCTTTGTAGGCTGACATGGGCTCATACTATGTGGT TCCTCCTTGGGAAAGAGGAGAAGAAATACAGGGATTCTGAGCGTTCTTCC TTATCTTGGGATATTATGAAATGGACATTCTGAATCCTGAACCAGTATTG ATCTGAAGTGCAAAGTACAATATGCTGTTCCTTCATGTCTGCTATCCTC TTGGTACTTATTAATTCCT ... approximately 500 bp to end
>rGR13 aa MCGFPLSIQLLTGLVQMYVILIIAV FTPGMLGNVFIGLVNYSOWVKNKKI TFINFILICLAASRISSVLVVFIDA IILELTPHVYHSYSRVKCSDFWVI TDQLSTWLATCLSIFYLLKIAHFSH PLFLWLKWLRLRGVLVGFLLFSLFSL IVYFLLELLSIWGOIYVIPKSNLT LYSETIKTLAFQKIIVFDMLYLVPF LVSLASLLLFSLVKSQNLDRIS TTSEDSRAKIHKKAMKMLLSFLVLF IIHIFCMQLSRWLFLLFPNNRSTNF LLLTLNIFPLSHTFIIILGNSKLRQ RAMRVLQHLKSQLQELILSLHRLSR VFTMEIA	>rGR13 nt GGGATTCACTTGGATAAGAGAAAAGTCAAAACCCTAAGACTAAGAATTTCC TTAAGTAGATATCAATTTCTATCCATTGGAAGGAGTTTCCAATCACACTGA AATTACAATAAAAAAGGAGCAAGATAACTATGGGAAAGGATGATTTTCGGT GGATGTTTGAGAACTGAGCAGCAAGGCAAAATGTATAGATGTGTGCAATCCC TCTTTCTATCAACTGCTTACTCGATTGGTTCAAATGTACGTGATATTGAT AATAGCAGTGTTCACACTGGAATCCTGGGGAATGTGTTCAATTGGACTGGT AAACTACTCTGACTGGGTAAAAACAAGAAAATCACCTTCATCAACTTCAT CCTGATCTGTTTGGCAGCGTCCAGAATCAGCTCTGTGTTGGTGGTATTAT TGATGCAATCATCCTAGAACTAACTCCTCATGTCTATCATTTTACAGTCG AGTGAAATGCTCTGATATATTCTGGGTATAACTGACCAGCTGTCAACGCTG GCTTGGCACCTGGCTCAGCATTTTCTACTTACTCAAAATAGCCCACTCTC CCATCCCCCTTTCTTGGTTGAAGTGGAGATTGAGAGGAGTGTGTTGG TTTCTTCTATTTCTTTGTTCTCATTTGATTGTTTATTTCTACTCCTGGA ATTACTGTCTATTTGGGAGATATTTATGTGATCCCTAAAAGCAATCTGAC TTTATATTGAGAAAATTAAGACCTTGTCTTTTCAAAAGATAATTGTTTT TGATATGCTATATTTAGTCCCATTTCTTGTGCTCCTAGCCTCATTGCTCCT TTTATTTTATCCTTGGTGAAGCACTCCCAAAACCTTGACAGGATTTCTAC CACCTCTGAAGATTCAGAGCCAGATCCACAAGAAGCCATGAAAATGCT ATTATCTTTCTCGTTCTCTTTATAATTCACATTTTTCATGCACTGTG ACGGTGGTTATCTTTTGTCTTCCAAACAACAGGTCACTAATTTTCTTTT GTTAACATTAAACATCTTCCCATTTATCTCATACATTATTATCATCTGGG AAACAGCAAGCTTCGACAAAGAGCAATGAGGCTCTGCAACATCTTAAAG CCAATTCAAGAGTTGATCCTCTCCCTTCATAGATTGTCCAGAGTCTTCAC TATGGAATAGCTTAAAGGGGAGACTTGGAAAGTCACTGGTAACCTTGTCT TCCGCTGAGTTCTGTTAAGTAATGCTGGACATATATGAATATCCCTAGTG CATACTGATATT ... approximately 1500 bp to end?
>rGR14 aa (partial) VANIMDWVKRRKLSAVDQLLTVLAI SRITLLWSLYILKSTFSMVPNFVA IPSTRLTNLVWIIISNHN	>rGR14 nt (oligo sequence removed) CTGTGGCAAACATAATGGATTGGGTCAAGAGAAGGAAGCTCTCTGCACTGG ATCAGCTCCTCACTGTGCTGGCCATCTCCAGAATCACTCTGTTGTGGTCAT TGTACATACTGAAATCAACATTTTCAATGGTGCCAACTTTGAGGTAGCTA TACCGTCAACAAGACTAACTAATCTGTCTGGATAATTTCTAACCATTCTTA AT

>mGR01 aa (notional) MQHLLKTIFFVICHSTLAIILIFELI IGILGNFMALVHCDWVKRKMMSL VNKILTALAIISRIFHLSLLLISLVI FFSYSDIPMTSRMTQVSNVWIIIVN HFSIWLTCLSVLYFLKISNFSNSF FLYLKWRVEKVVSVTLLVSLLLLIL NLLLINLEISICIKECQRNISCFS SHYAKCHRQVIRLHIIFLSVPVVL	>mGR01 nt AGCTGTGCGTGAGCAAAGCATTTCTTGTCTGCCACTTCTGAGCTGTGTGAG GAGACACATTATCACGGAAGAGATTCAAGTCTGTGCTGTCAAACCTGT ATGTTTGTCTCTCTTTACTGTGAAGGCAGAGTTACGAAAAAAATGTTAT GAGAACCACCTCAGAAATTGACAAAAATTTCTAAATGTCAATTTTAAAAA TTATATTTCAAATGGAATGTGAGCAATCTTTATACTAATATATAAAAT GCAGCATCTTTAAAGACAAATTTGTTATCTGCCATAGCACACTTGCAT CATTTTAACTTTGAATTAATAATTGGAATTTAGGAAATGGGTTTCATGCC CCTGGTGCACCTGTATGGACTGGGTTAAGAGAAAAAATGTCTTAGTTAA TAAATCTCTACTGCTTTGGCAATCTCCAGAATTTTCATCTCAGTTTATT
---	--

SLSTFLLLIIFSLWTL...MQQHVQG GROARTTAHFALQTVIAFFLLYSI FILSVLIQNEILLKKNLFVVFCEVVY IAFPTFHSYILIVGDMKLRQACLPL CIIAAEIQTTLCRNFRSLKYFRLCC IF	GCTTATAAGTTTAGTCATATTCCTTTTC...TCTGATATTCCTATGACTTC AAGGATGACACAAGTCAGTAATAATGTT...GATTATAGTCAATCATTTTCAG TATCTGGCTTTCTACATGCCCTCAGTGTCTTTATTTCTCAAGATATCCAA TTTTCTAACTCTTTTTCTTTATCTAAAGTGGAGAGTTGAAAAAGTAGT TTCAGTTACACTGTTGGTGTCTATTGCTCCTCTGATTTTAAATATTTTATT AATTAAGTTGGAAATTAGCATATGCATAAAGGAATGTCAAAGAAACATATC ATGCAGCTTCAGTTCTCATTACTATGCAAAGTGTACAGGCAGGTGATTAAG GCTTCACATTATTTCTGTGTCTGTCCCGGTTGTTTGTCTCTCTCAACTTT TCTCCTGCTCATCTTCTCCCTGTGGACACTTCACCAGAGGATGCAGCAGCA TGTTCAGGGAGGCAGAGATGCCAGAACCCAGGCCCACTTCAAAGCCCTACA AACTGTGATTGCAATTTTCTACTATATTCATTTTATTTCTGTCTGTCTT AATACAAATATGAATTACTGAAGAAAAATCTTTCTGTGATTTTGTGAGG TTGTATATATAGCTTTTCCGACATTCCATTATATATTCTGATTGTAGGAG ACATGAAGCTGAGACAGGCTGCTGCTCTCTGTATTATCGCAGCTGAAA TTCAGACTACACTATGTAGAAATTTTAGATCACTAAAGTACTTTAGATTAT GTTGTATATTCTAGACAAAAATTAAGTGTACAAATGTCTTTTGTATTGTT CATTTTAAATATCCTTTAATTTGACTGCATGAAATTGATTTCTGCTTGCA ATTATCACTGATTAAACTATTAATAATTTAACTAGTTGTATACAAGG
>mGR02 aa MESVLNHFATVLIYVEFIFGNLSNG FEVLNFDLWVIKQKLSLIDKILLT LAISRITLIWEIYAWFKSLYDPSSF LIGIEFQIIYFSWVLSHFLWLAT TLSVFYLLRIANCWSQIFLYLKWRL KQLIVGMLLGLSLVFLGNLMQSMLE ERFYQYGRNTSVNTMSNDLAMWTEL IFFNMAMFSVIPFTLALISFLLIF SLWKHLQKMLISRRHRDPSTKAHM NALRIMVSFLLLYTMHFLSLLISWI AQKHQSELADIIGMITELMYPFSVHS CILILGNSKLLKQTSCLMLRLRLRL KGENITIAYSNQITSFCVFCVANKS MR	>mGR02 nt CAGCAGACTGAAAAACTCATGGGCCACTTGGTCCACCAGGGACAGGCGGAGC CTGTTATATGCCAAGCTTTCTATGACATGGAATCTGTCTTTCACAACCTTT GCCACTGTACTAATATACGTGGAGTTTATTTTGGCAATTGAGCAATGGA TTCATAGTGTCTTCAAACCTTCTGGACTGGGTCACTTAAACAAAGCTTTCC TTAATAGATAAAATCTCTTACATTGGCAATTTCAAGAACTACTCTCATC TGGGAAATATATGCTTGGTTTAAAGTTTATATGATCCATCTTCTCTTTTA ATTGGAAATAGAAATTTCAAATATTTTATTTAGCTGGGTCTCTTCTAGTCACT TTCAGCTCTGTGCTTGGCCACAACCTCTCAGCGTCTTTTATTTACTCAGAAATA GCTAAGTCTCTCTGGCAGATCTTCTCTATTTGAAATGGAGACTTAAACAA CTGATTGTGGGAGATGTTGCTGGGAAGCTTGGTGTCTTGTCTTGGAAATCTG ATGCAAGCATGCTTGAAGAGAGGTTCTATCAATATGGAAGGAACACAAGT GTGAATACCATGAGCAATGACCTTGGCAATGTGGACCGAGCTGATCTTTTTC AACATGGCTATGTTCTCTGTAATACCATTTACATTGGCCTTGATTCTCTTT CTCCTGCTAATCTTCTCTTTGTGGAAACATCTCCAGAAGATGCAGCTCAT TCCAGAAGACACAGAGACCCCTAGCACCAAGGCCACATGAATGCTCTTGAGA ATTATGGTGTCTCTCTCTTGTCTATACCATGCAATTTCTGTCTCTCTCTT ATATCATGGATTGCTCAAAAGCATCAGAGTGAAGTGGCTGATATATTGGT ATGATAACTGAAGTCACTATCTCTTCTAGTCCATTGATGATCTCTGATTCTA GCAAAATCTAAATTAAGCAGACTTCTCTTTGTATGCTGAGGCAATTGAGA TGTAGGCTGAAAGGAGAGAATACACAATTGCATATAGCAACCAATAACT AGCTTTTGTGTATTCTGTGTTGCAAAACAAATCTATGAGGTAGTTGTTCAAG GAATCTCTCTTGTACTTATTGTATCATGGAAAGTCATATGGGGAGTCTGAA AGAGCTGTCTTCTGTAAAGCAAGGTTTGTATACACTAGTGGGGCTGGGACAC CAACCCAGCACAAAACCTAGCTATAACCTATCTGGCTGCAGGATATGCT GGAACAATGGTGGCTTGGAAATTTGTGGGACTGGCAAGCAATAGCTAGTCT AACTTGAGGCCCATTCACAGCAGGAAGCTCATGCCACCTCTGCTGGAT GGCCAGGAAGCAAAATCTTGATGGCCCCAAGACCTATGGTAACTGAACAC TACTGGAAAAAGAAAGACTCGTGTTAATGATCTATCAAAATATTTCTTAATG ATATTTCTGATAAACTCATATATTAGTCCCTGTCTTAATCATCATCACTGGG ACTCCTTCCCAGCACCTGATGGGAGCAGATAGAGATCTACATCCAAATAGT AAGTGTATCTTGGGAACTCCACTTAAGAAATAGAAGGAACAATTATGAGAG CCAGAGTGATCCAGAACACTAGGATCACAGAATCACTAAGCAGCATGCAT AGGGGTTAATGGAGACTGAAGTGGCAATCACAGAGCCTGCATAGSTCTACA CTAAGTCTCTGTGTATATCTGTGGCTGTTTAGCTTAGGAATTTTGTGG ACTCTAACAATGGATAAGGAATTC
>mGR03 aa MVLTRAILWVTLITIISLEFIIGI LGNVFIALVNIIDWVKRGKISAVDK TYMALAISRTAFLLSLITGFLVSL DPALLGMRTMVRLLTISWMVINHFS VWFATCLSIFFYFLKIANFSNIFLV LKWEAKKVVSVTLVVSVIILIMNII VINKETDRLQVNTLQNCSTSNLKD	>mGR03 nt CTTTAAATAGCAGGCTGTGAATATTTAAATTTCTTTCTGCACCAACTACTG AGGGCTTCAGACTGCTGTATACAGGGCATGAAGCATCTGGATGAAGTTCTAG CTGTGCTGCCCTTTGACACAAATTTTGTGTATGTGTGGAGAACATAAACC ATTTCAATAGTGAATTTGGCTTTTGGGTGACATTGTCTATGATAGTTCTG AAAGTGATTATGTTAAGAAATCAGACACAGCCGTCTAGAAGATTGTATTAAAC ACATCTTTGGTAGTTTCAAGAAATTTAGATCATCATGGTGTGACAAATAAG GGCTATTTTATGGGTAACATTGATAACTATTATAAGTCTGGAGTTTATCAT AGGAATTTTAGGAAATGATTCTATAGCTCTCGTGAACATCATAGACTGGGT

YGLFLFISTGFTLTFFA LTHFLI LIFSLWRHLKNMCHSATGSROVSTV AHIKGLQTVVTFLLLYTAFVMSLLS ESLNINIQHTNLLSHFLRSIGVAF TGHSCVLIILGNSKLRQASLSVILWL RYKYKHIEHWGP	TAAAAGAGGAAAGATCTCTCCAGTGGATA TCTATATGGCCCTGGCCAT CTCCAGGACTGCTTTTATTGTCACATAATCAGGTTCTTGGTATCATT ATTGGACCCAGCTTTATTGGGAATGASACGATGGTAAGGCTCCTTACTAT TTCCTGGATGGTGACCAATCATTTCAGTGTCTGGTTTGCACATGGCTCAG TATCTTTTATTTCTCAAGATAGCTAAITTTCTCAAAITCTATTTTCTCTGT TCTCAAAATGGGAAGCTAAAAAAGTGGTATCAGTGACATTGGTGGTATCTGT GATAATCTTGATCATGAACATTATAGTCATAAACAAATTCAGTGACAGACT TCAAGTAAACACACTCCAGAACTGTAGTACAAGTAAACACTTAAAAAGATT TGGGCTCTTTTATTCTATAGCACTGGGTTTACACTCACCCTTCTGGTGT GTCTTTGACAATGTTTCTTCTGCTCATCTTCTCCTGTGGAGACATCTCAA GAATATGTGTACAGTGGCACAGGCTGCAGAGATGTGAGCAGACGTGGCCCA CATAAAAGGCTTGCAAACTGTGGTAACCTTCTGTACTATATATACTGCTTT TGTTATGTCACTTCTTTCAGAGTCTTTGAATATTAACTTCAACATACAAA TCTTCTTCTCATTTTACGGAGTATAGGAGTAGCTTTTCCACAGGCCA CTCCTGTGTACTGATTCTTGGAAACAGTAAGCTGAGGCAAGCTCTCTTTCT TGTGAATTTGTGGCTGAGGTATAAGTACAAACATATAGAGAATTTGGGGCCC CTAAATCATATCAGGGATCCTTTTCCACATTCTAGAAAAAATCAGTTAAT AAGAACAGGAATTTAGGAAGGAATCTGAAATATGAATCTCATAGGCCATG AACCTTCAGACAAAGGATTCTTAGAGAGATAGAGAGAGACATGTGTTATC TGTAACCTGACAGGCAACACTGTAGATTATGAAATAAATGTCACTCTGT ATGGAAGCAAAACATGCTATATTTTATTAATTTGGTTTGGTTTAAAGTGG GGATA
>mGR04 aa MLSALSIILLSVATSEAMLGVLGNT FIVLVNYTDVVRNKKLSKINFILTG LAISRIFTIWIITLDAYTKVFLTM LMPSSSLHECMSYIWVFINHLSVWFS TSLGIFYFLKIANFESHYIFLWMKRR ADKVFVFLIVFLIITWLASFPLAVK VIKDVKIYQNSNTSWLIHLEKSELLI NYVFANMGPISLFIVAIACFLTI SLWRHSRQMOSIGSGFRDLNTEAHM KAMKVLIAFIILFILYELGILIELL CLFLTNKLLFIFGFTLSAMYPCCH SFILILTSRELKQDTMRALQRLKCC ET	>mGR04 nt CTGCAGCAGGTAAATCACACCAGATCCAGCAGAAGCCTTCTTGGAAATTGG CAGAGATGCTGAGTGCCTGGAAGCATCCTCCTTTCTGTTGCCACTAGTG AAGCCATGCTGGGAGTTTATGGGAACACATTAACTGACTTGTAACTACA CAGACTGGGTGAGGAATAAGAACTCTCTAAGATTAACTTTATTTCTCACTG GCTTAGCAATTTCCAGGATTTTACCATATGGATAATAACTTTAGATGCA ATACAAAGGTTTCTCTCTGACTATGCTTATGCCGAGCAGTCTACATGA GCATTGAGTTACATATGGTAATTATTAACCATCTGAGCGTTTGGTTTAGCA CCAGCCTCGGCATCTTTTATTTCTGAAGATAGCAAAATTTTCCCACTACA TATTTCTCTGGATGAAGAGAAGAGCTGATAAAGTTTGTCTTTCTAATTG TATTTCTTAATTATAACGTGGCTAGCTTCCCTTCCGCTAGCTGTGAAGGTC TTAAAGATGTTAAATATATCAGAGCAACACATCCTGGCTGATCCACCTGG AGAAGAGTGAATTACTTATAAACTATGTTTTTCCCAATATGGGGCCCATTT CCCTCTTTATTTGAGGCATAATTGCTTGTCTTCTTGTAAACCATTTCCCTTT GGAGACACAGCAGGCGAGATGCAATCCATTGGATCAGGATTCAGAGATCTCA ACACAGAAGCTCACATGAAGCCATGAAAGTTTAAATTGCATTTATCATCC TCTTTATCTATATTTTGGGTATTTCTCATAGAAACATTATGTTGTTGTT TTACAAACAATAAACTTCTCTTTATTTTGGCTTCACTTTGTGACGCCATGT ATCCTGTTGCCATTCTTTATCTTAATTCTAACAAGCAGGGAGCTGAAGC AAGACACTATGAGGGCACTGCAGAGATTAAATGCTGTGAGACTTGACAGA GAAATGAATGTTCTGGCAGATTGAGCAGGGAATCCCTGGAGCCCTTTCCA TTCCCACTATGTTCTCACACTGTCTTTAGTTGAATTGTTAAAGTTTTTGA AACCTTTGGCACTGATTGACTGCAGCTACGCCAGTGTAAAGATTTTCATAG TAAGAGCAACATTGAAATTAAGACTTCTCAGTCTTATTTCACTGAGTTTC TAAGCATTGACACCCATTCAACAGAAAAACCAAGGGGAAGAGAGGATT TTCAGACATGTGTGATGAATCTTGATATTTAGGACATGGAATTGAGGAG-C CAGAGGGATGCTACCGTGTGTCTACAGCTTGTGTTGTTAAATAGCTACTTT TCCTTTCCAGTTAGTTAAAGTAGATGCTTGGAGTAGTGGTGAAAAATCATG GCACTAGATTGGGATCTGTGGGAAGTGGTTGAGGAAGCAGGCTGTTTCTGAA CGAAGAGACCAGAGGACTGATTGAACGTGTCATTGTGTATATCAAAATAG TGATTTCAGATGAAGCCCAAGTTGTAGAGCAAAGATATCTGAGGAAGAATTC
>mGR05 aa MLSAAEGILLSIATVEAGLGVLGNT FIALVNCMDWAKNNKLSMTGFLLIG LATSRIFFIVWLLTLDAYAKLFYPSK YFSSSLIEIISYIWMTVNHLTVWFA TSLSIFYFLKIANFSDCVFLWLKRR TDKAFVLLGCLLTSWVISFSFVVK VMKDGKVNHRNRTSEMYWEKRQFTI NYVFLNIGVISLFMMTLTACFLLEI	>mGR05 nt ATGCTGAGTGGCGGAGAGGCATCCTCCTTTCCATTGCAACTGTTGAAGCT GGGCTGGGAGTTTATGGGAACACATTATTCAGCTGGTAAACTGCATGGAC TGGGCCAAGAACAATAAGCTTTCTATGACTGGCTTCTTCTCATCGGCTTA GCAACTTCCAGGATTTTATTTGTGTGGCTATTAACCTTAGATGCATATGCA AAGCTATTCTATCCCAAGTAAGTATTTTCTAGTAGTCTGATTGAAATCATC TCTTATATATGGATGACTGTGAATCAGCTGACTGTCTGGTTTGGCCACAGC CTAAGCATCTTCTATTTCTGAAGATAGCCAAATTTTCCGACTGTGTATTT CTCTGCTTGAAGAGCAGAACTGATAAAGCTTTGTTTCTCTCTGGGCTGT TTGCTAACTTCATGGGTAATCTCCTTCTCATTTGTTGTGAAGGTGATGAAG

SLWRHSRQMSQSGVSGFNTTEAHV KAIFLISFIILFVLYFIGVSIIEII CIFIPENKLLFIIFGFTTASIIYPCCH SFILILSNSQLKQAFVKVLQGLKFF	GACGGTAAAGTGAATCATAGAAACAGGAGGAGATGTACTGGCAGAAA AGGCAATTCACATTAACACGTTTCTCTGATATTGGAGTCATTTCTCTC TTTATGATGACCTTAACATGATGTTTCTTGTAAATATGTCATTTGGAGA CACAGCAGGCAGATGCCAGTCTGGTGTTCAGGATTGACAGACCTCAACACA GAAGCTCATGTGAAAGCCATAAAATTTTAAATTCATTTATCATCTTTTC GTCTTGATTTTATAGGTGTTCAATAGAAAATTATCTGCATATTTATACCA GAAAACAACTGCTATTTATTTTGGTTTCACAACTGCATCCATATATCCT TGCTGTCACTCATTTATTTCTAAATTCATCTAACAGCCAGCTAAAGCAAGCC TTTGTAAAGGTACTGCAAGGATTAAGTTCCTTTTAG
>mGR06 aa MLTVAEGILLCFVTSGLVGLVNG FILHANYINCVRKKFSTAGFIILTGL AICRIFVICIIISDGYLKLFSPHMV ASDAHIEVISYIWIINHNTSIWFAT SLNLFYLLKIANFSHYIFFCLKRRI NTVFIPLGLCLFISWSIAFPQTVKI FNVKKQHRNVSWQVYLYKNEFIVSH ILLNLGVIFFEMVAIITCFLLIISL WKHNRKMQLYASRFKSLNTEVHVKV MKVLISFIIILLILHFIGILIELSF LKYENKLLIILGLIISCMYPCCHSF ILILANSQKQASLKLKQLKCHKK DKDVRVTW	>mGR06 nt TATAGTTGCAGCAGAGAAGCAACGTTAGGGATCTGTAGAGATGCTGACTGTA GCAGAAGGAATCCTCCTTTGTTTTGTAACATAGTGGTTGAGTCTCTGGGAGT TCTAGGAAATGGATTTATCCTGATGCAAACTACATTAACCTGTGTCAGAA AGAAGTTCTCCACAGCTGGCTTTATCTCACAGGCTTGGCTATTTGCAGA ATCTTTGTCAATGTATAATAATCTCTGATGGATATTTAAATTTGTTTTT TCCACATATGTTTGGCTCTGATGCCACATTATAGTGATTTCTTACATAT GGGTAAATATCAATCATACAAGTATATGTTTGGCCACAGCTCAACCTC TTCTATCTCCTGAAGATAGCAAAATTTTCTCACTACATCTTCTTCTGCTT GAAGAGAAGAATCAATACAGTATTTATCTTCTCCTGGGATGCTTATTTA TATCATGGTCAATGCTTTCCACAAACAGTGAAGATATTTAATGTTAAA AAGCAGCACAGAAAATGTTTCTGGCAGGTTTACCTCTATAAGAAATGAGTT CATCTGAAGCCACATTTCTTCTCAACCTGGGAGTTATATCTTCTTTATGG TGGCTATCATATACATGCTTCTTATTAATTTATTTCACTTTGGAAACATAAC AGAAAGATGCAGTTGTATGCTCAAGATTCAAAAGCCTTAACACAGAAGT ACATGTGAAAGTCATGAAAGTTTTAATTTCTTTTATTTATCTGTTAACT TGCAATTTACAGGGATTTGATAGAAACATGAGCTTTTAAATGCTGAA AATAAAGTCTACTTTATTTTGGTTTGTATAATTTATGATGTATCTTGT CTGTCAATCAATTTATCTTAATTTAGCAAAACAGTCAAGTGAAGCAGGCTT CTTTGAAGGCACTGAAGCAATTAATGCCATAAGAAAGACAAGGAGCTC AGAGTGACATGGTAGACTTTATGGAGAAATGAATGGTCACAAGAAATAGCC TGGTGTGGAGATGTTGATATCTCTAAAGACCGTTTCACTTCCAAATCTT GCAATTTATTTAAAAAAAAGTCTTGCTGATATCATGGAATCATGGGAAA TGTTGCAATTTGTTTGGGGACAGGGTGACCAGTGAAGGTATGGTTAAG CAGCGAAACACTCATACAGCTCGTTCTGTTCTTTTGTATTTTGTG TTGGTGGCTTCCAAGACATGATTTCTCTATGTAAGTTTGG
>mGR07 aa MLNSAEGILLCVVTSEAVLGLVLOT YIALFNCMOYAKNKKLSKIGFILIG LAISRIGVWVWIIILQGYIQVFFPHM LTSGNITEYITYIWFNLHLSVWFV TNLNILYELKIANFNSVFLWLKRR VNAVFIIFLSGCLLTSWLLCFPQMTK ILQNSKMHQRNNTSWVHQKNYFLIN QSVTNLGIFFFFIIVSLITCFLLIVE LWRHVRQMHSOVSGFRDHSTKVHVK AMKFLISFMVFFILHFVGLSIEVLC FILPQNKLLFITGLTATCLYPCGHS IIVILGNKQLKQASLKLQQLKCC TKGNFRVK	>mGR07 nt TTCATATGAAGAGGAGGCAAGGCAATGTTGGTTTCTGTTGTCTGACCAGT GTATTTGACAGTGATACACATTTGATTGCTAAATGCAAAATAGTTCCAA AGGAACAAGTAAATTTTATGAAATAGAGCTTCTATTTGCTTATTAACAAA CTGCAAGCAAAACATTAGTCTGCACACATTTATAGACAAGCTAAATCTTCA AAAGCAATAAAGAGAGCAGCCATAAAGTTCTGACTCTATCATGACATCAAT AGGCTTGAAAGATGTTCTATGTAGATAAAGAAGATGCCATAACTTCTCCA TCAAGAAAGCCAGTATATGGGACATTTCTCCAGCAGATAATTTACAATAGAT CAGCAGAAGTAACTTAGAGATCTGTAAGATGCTGAATTCAGCAGAAGGC ATCCTCCTTTGTGTTGTCATAGTGAAGCTGTGCTCGGAGTTTLAGGGAC ACATATATGCACTTTTAACTGCATGGACTATGCTAAGAACAGAAGCTC TCTAAGATCGGTTTCAATCTCAATGGCTTGGCGATTTCCAGAAATGGTGT GTATGGATAAATAATTTTACAAGGGTATATACAAGTATTTTCCACACATG CTTACCTCTGGAAACATAACTGAATATATTACTTACATATGGGTATTTCTC AATCACTTAAGTGTCTGGTTTGTACCAACCTCAACATCCTCTACTTTCTA AAGATAGCTAATTTTCCAACTCTGTATTTCTCTGGCTGAAAGGAGAGTCA AATGCACTTTTATCTTTCTGTGAGGATGCTTACTTACTCATGGTTACTA TGTTTTCCACAAATGACAAAGATACCTCAAAATAGTAAATGCACCAGAGA AACACATCTTGGGTCCACCAGCGGAAAAATTAATTTCTTATTAACCAAGT GTGACCAATCTGGGAATCTTTTCTTCAATATGTATCTCTGATTAACCTGC TTTCTGTTGATTGTTTCTCTCTGGAGACATGTCAGACAAATGCACATCAGAT GTTTCAGGATTCAGAGACCACAGCACAAAAGTACATGTGAAGGCTATGAAA TTTCTAATATCTTTATGGTCTTCTTATCTGCAATTTGTAGGCCCTTCTC ATAGAAGTCTATGCTTCTTCTGCGCAAAAATAAACTGCTCTTTAATGAT GGTTTGACAGCCACATGCTCTATCTCTGCGGTCACTCAATCATCTGAAT TTAGGAAAATAAGCAGTTAAAGCAAGCTCTTTGAAGGCACTGCAGCACTA AAATGCTGTGAGACAAAAGGAAAATTCAGAGTCAAAATAAATGGGTTTGCA ATAAATAGCTSCCTTGTCTTCTCACGGTTTACCTGTTAGTGTGTT

	ATGAAAAGTTCTGCTATGGTTGATGACATCAAGGAATCTATTTTCTG GTGGCATGTTAAGTCCACGTGAAGCCTCATACTGTGACTTGACTAT GCAAATCTTTCCACAAAATAACCAGATAACATTGAGCTGGAGATAAATT CATTTAAAGGCTTTTATGGTGAGGATAAACAAAAAATCATTTTTC TGTGATTCAGTGAATCCAGGATGAGTAAAGAAAAACAAGACAAATGGT TGTGATCAGCCTTTGTGTGCTAGACAGAGCTAGGGACCAGATGTTGATGC TTGTGTGTGGTTTGAAGTTCTTAAAGAAGTTATTGCTCTCTGCCATTCCG TATTCCTCAGGTGAGAATTC
>mGR09 aa MLWELYVVFVFAASVFLNFGIIANL FIIVIIKTVWNSRRIASPDRILFS LAITRFLTGLFLNSVYIATNTGR SVYFSTFFLLCWKFLDANSLWLVTI LNSLYCVKITNFQHPVFLLLKRTIS MKTTSLLLACLLISALTLLLYMLS QISRFPPEHIIGRNDTSFDLSOGILT LVASLVLNSLLQFMLNVTFASLLIH SLRRHIQKMQRNRTSFWNPQTEAHM GAMRLMICFLVLYIPYSIATLLYL SYMRKNLRAQAICMIITAAYPPGHS VLLIITHHKLKAKAKKIFCFYK	>mGR08 nc AAGCTTGTGTTGAATTAGGCATTCTTAAGAAAATAAGAACAGGAGTGAAGA AATAGTAATTTAATCCTTGAAAGATTGCGATCTCAGTAAAAGCAGCTGCCT CTTAGACCAGAAATGGTGTGTTGCCATGCTGGAATAAAAAAGGAGACCTCT TTCCAGGCTGCATCCTGTGTCTGCTTACTTATTTCAGTTTGTTCATCGG CACCAAACGAGGAAAGATGCTCTGGGAAGCTGTAATTTGTGTTGCTGTC CTCGGTTTTTTTAAATTTTGTAGGAATCATGCAAACTATTATTATAGT GATAATTATTAAAGACTTGGGTCAACAGTCGCAGAAATGCCCTCTCCGGATAG GATCCTGTTCAGCTTGGCCATCACTAGATTTCCTGACTTTGGGGTTGTTTCT ACTGAACAGTGTCTACATTGCTACAAATACTGGAAGGTGAGTCTACTTTTC CACATTTTCTTATTGTGTTGGAAGTTTCTGGATGCAAAACAGTCTCTGGTT AGTGACCATTCTGAACAGCTTGTATTGTGTGAAGATTACTAATTTTCAACA CCCAGTGTCTCTCTGTTGAAACGGGACTATCTATGAAGACCACCAGCCT GCTGTTGGCCTGTCTCTGATTTCAGCCCTCACCACCTCTCTATATTATAT GCTCTCAGATATCAGCTTTTCTGAAACACATAATTGGGAGAAATGACAC GTCAATTTGACCTCAGTGATGATCTTTCAGCTTAGTAGCCTCTTTGGTCTCT GAATCACTTCTACAGTTTATGCTCAATGTGACTTTTCTCTCTGTTAAT ACATTCCTTGAGAAGACATATACAGAAGATGCAGAGAAACAGGACAGCTT TTGGAATCCCCAGACGGAGGCTCAGATGGGTGCTATGAGGCTGATGATCTG TTTCTCTGCTCTACATTCCATATTCAATTGCTACCTGCTCTATCTTCC TTCTATATGAGGAAGAACTGACAGCCAGGCTTTCATGATTATTAC TGCTGCTTACCTCCAGGACATTCTGTCTCTCTCATATCAGACATCATAA ACTGAAAGCTAAAGCAAAGAAATTTCTGTTTCTACAAGTAGCAGAAATTT CATTAGTAGTTAACAGCATCAATTCATGGTTTGGTTGCATTAGAAATGTCT CAGTGATCTAAGGACTTAATTTTGTGATCTTGATCTGGCATCCTGACCCT GAGACTAAGTGCTTATATTTTGGTCAATACAGCATCTTTGGCTAATATTT TAAAGTAAATCACATTCATTAAGAAATGTTTAAAGGATTACGTATTTT CATGGCTATCATTCTAGACAAATGGAATCACCATACTGTTTCTGCTAGC TACTGAAGTACAGGGGAAAGTCCATGAATGAAGGCCACATTGTGATGTTCT TTGGTTAGCACAGATTAGAGAATTTGGCTCAACTGAGCAAGATATC
>mGR09 aa MEHLLKRTFDITENILLIILFIELI IGLIGNGFTALVHCOMDWKRRKMSL VNKILTALATSRIFLWFLVGEPI SSLYPYLVTTRLMIQFTSTLWTIAN HISVWFATCLSVFYFLKIANFNSP FLYLKRRVEKVVSVTLVSLVLLFL NILLNLEINMCINEYHQINISYIF ISYYHLSCQIQVLGSHIIFLSVPV LSLSTFLLLIIFSLWTLHKRMQHVQ GGRDARTTAHFKAQAVIAFLLLYS IFILSLLLQFWIHGLRKKPPFIAFC QVVDATFPSPFHSYVLILDRKLRHA LSVLSWLKCRPNYVK	>mGR09 nc GAATTCAGAAATCATCAAAAATCTTCAAACTACATGTTTAAATAGCAC TTCAAAATGAATACATTGCAAAATCTTTACAACTAATACATAAAATGGAGCA TCTTTTGAAGACAACATTGATATCACCGAGAACATCTCTAATTATTTT ATTCAATTGAATTAATAATTGGACTTATAGGAAACGGATTACAGCCCTTGGT GCAGTGCATGGACTGGGTTAAGAGAAAAAATGTCAATTAGTTAATAAAAT CCTCACCCTTTGGCAACTTCTAGAAATTTCTGCTCTGGTTCAATGCTAGT AGGTTTCCCACTAGCTCACTGTACCCATATTAGTTACTACTAGACTGAT GATACAGTTCACTAGTACTCTATGGACTATAGCTAACCATATTAGTGTCTG GTTTGCTACAGGCTCAGTGTCTTTTATTCTCAAGATAGCCAAATTTTC TAATCTCCTTTCTCTATCTAAGAGGAGAGTTGAAAAAGTAGTTTCAGT TACATTAAGTGGTCTCTGCTCTCTTGTGTTTTAAATATTACTACTTAA TTTGAAATTAACATGTGTATAAATGAATATCATCAATAAACATATCATA CATCTTCATTTCTTATACCATTAAAGTTGTCAAATTCAGGTGTTAGGAAG TCACATTAATTTCTGCTGTCTGCTCCCGTGTGTTTGTCTCTCAACTTTCT CCTGCTCATCTTCTCCTGTGGACACTTCACAAGAGGATGCAGCAGCATGT TCAGGGAGGCGAGATGCCAGAACCAGGCCCACTTCAAAGCCTTGCAAGC AGTGATTGCCCTTCTCTACTATCTCCATTTTATCTGTCTGCTGTTACT ACAATTTTGGATCCATGGATTAAAGGAAGAAACCTCCTTTCAATTGCATTTG TCAGGTTGTAGATACAGCTTTTCTCTCAATCCATTCAATGCTGTGATCT GAGAGACAGGAGCTGAGACAGGCTCTCTCTGTGTGTGCTGCTGGCTGAA ATCGAGGCCAAATATGTGAAATAATATTTCTTTGTATTTTCATTTTCAAT TTTAAATATTTCTAGAAATTTGACTGCATGTATTTTCATCTTTTGAAG CAACCACTAATTAAGCTATTACTAATTTAGCAAGTCGTATACAAGGTTAT TTTTTAATACACATATCAAAACTGACATGTTTATGTTCTACAAAACTG

	AATATATGAAATTATATAAATTTTGTATGCGATTAAACAATGGAGTTTT TTTTATTTATGACCTGTCACGGGACTCCGGTGGAGTCAGCTTGTGAGATGAA AGTCTGAAAGCTT
>mGR10 aa MFSQIISTSOIFTFTIILFVELVIG ILNGFIALVNMIDWTKRRSISSAD QILTALAITRFLYVWFMIICILLEM LCPHLLTRSEIVTSIGIWIWNNHF SVWLATCLGVFYFLKIANFSNSLFL YLKWRVKVVLMI IQVSMIFLILNL LSLSMYDQFSIDVYEGNTSYNLGDS TPFPITISLFINSSKVFVITNSSHIF LPINSLFMLIPFTVSLVAFMLLIFS LWKHHKKMQVNAKPPRDASTMAHIK ALQTGFSLFLLYAVYLLFIVIGMLS LRLIGGKLILLFDHISGIGFPISHS FVLILGNKKLRQASLSVLHCLRCRS KDMOTMG?	>mGR10 nt GAATTCACATCTTATTCAACTTCAGAAAACTGGATATTAGACACAGTGTG TGGATGAAGCAGAGGTGATCTCTTTGGGAAAAAAGCCAAGTAGTCATAAAA GAATTTATGAAACAATTCCTGGGATTGTTTATATTTGTACAAAACAAATTT ATATGTTTGTAGTACAGTAATGTATAAGTGGGATTTTAAAGCATGATTATC TTGAATTTTAACAAAAAACATGTAGTGCTTTTAAATGTAGCAGAAACAT TAAAAATGAAGCATGTTCTCACAGATAATAAGCACCAGTGATATTTTAC TTTTACAATAATATTATTGTGGAAATTAGTAATAGGAATTTTAGGAAATGG ATTCATAGCACTAGTGAATATCATGGACTGGACCAAGAGAAGCAATTTTC ATCAGCGGATCAGATTCTCACTGCTTTGGCCATTACACAGATTCTCTATGT GTGGTTATGATCATTGTATATTGTTATTCATGCTGTGCCACATTGTCT TACAAGATCAGAAATAGTAACATCAATTGGTATTATTGGATAGTGAATAA CCATTTCAGCGTTGGCTTGCACATGCCCTGGGTGCTTTTATTTCTGAA GATAGCCCAATTTTCTAACTCTTTGTTCTTTACCTAAAGTGGAGATTAA AAAAGTAGTTTTAATGATAATACAGGTATCAATGATTTTCTTGATTTTAAA CCTGTTATCTCTAAGCATGTATGATCAGTTCTCAATTGATGTTTATGAAGG AAATACATGTTATAATTTAGGGGATTCAACCCCATTTCCCACAATTTCTCT ATTCATCAATTCATCAAAAAGTTTTCTGTAATCACCACACTCATCCCATATTT CTTACCCATCAACTCCCTGTTTCATGCTCATACCTTCACAGTGTCCCTGGT AGCCTTTCTCATGCTCATCTTCTCACTGTGGAAGCATCAGAAAAAGATGCA GCTCAATGCCAAACCACCTAGAGATGCCAGCACCATGGCCCATCACTGAAAGC CTTGCAAAACAGGGTTCTCCTTCTGCTGCTGTATGCAGTATACCTTACTTTT TATTGTCTAGGAATGTTGAGCCTTAGGTTGATAGGAGGAAAAATTAATACT TTTATTTGACCACATTTCTGGAATAGGTTTTCTATAAGCCACTCATTTGT GCTGATTCTGGGAAATAACAAGCTGAGACAAGCCAGTCTTTCAGTGTGTGCA TTGTCTGAGGTGCCGATCCAAAGATATGGACACCATGGGTCCATAAAAAAT TTCAGAGGTCTTGGGAAACATTTTGAGATCTTATAGGGGAAAAAGAAAAAT GTGGGGCTCAAGGCTGGTAGGAGTAATATAGAGAAGGATAGGAG
>mGR11 aa (notional!) MEHPLRRTFQFSQSILLTILFIELI IGLIRNGLMVLVHCIDWVKRKKFHL LKSSPLWQTSRICKLWEMLIHLII TLLYADLASTRTMMQFASNPTWISN HISIWLATCLGVFYFLKIANFSNST FLYLKWRVQFLLLNLVKEINMW INEYHQINIPYSFISYYQXCQIQVL SLHIIFLSVPFILSLSTFLLLIFSL WTLHQRMQQHVQGYRDASTMAHFKA LQAVIAFLLIHSIFILSLLLQWKH ELRKKPPFVFCQVAYIAFPSSHSY VFILGDRKLRQACLSVLWRLKCRPN YVG	>mGR11 nt AATAATGTATGTGGAAGAGTTAAGTATAAATGTTGTATGAGAATGAACTCA GAAATCATCAAAAATCTTTAAACTGCATGTTAAAAATCACAATCTCAAAATG AATATATTGTATATTCTTTAGAATCAATAAATAAATGGAGCATCTTTTGA GGAGAACATTTGATTTCTCCAGAGCATACTTTCAACCATTTTATTCATTG AATTAATAATGGACTTATAAGAAATGGATTAAATGGTATTGGTGCAGTGCA TAGATTGGGTTAAGAGAAAAAATTTCAATTTGTTAATCAAAATCTCAGCAC TTTGGCAAACTCCAGAAATTTGTCTGCTCTGGTTTATGCTAATACATCTCC TGATTACTTTATTGTATGCAGATTAGCTAGTACTAGAACGATGATGCAAT TCGCTAGCAATCATGGACTATATCTAACCATATCAGCATCTGGCTTGCTA CATGCCCTGGGTGCTTTTATTTCTCAAGATAGCCAAATTTTCTAAGCTTA CTTTCTCTATCTAAAATGGCGAGTTCAGTTCTCTCTGTTAAATATTTTAC TGGTTAAATTTGAGATTAAATGTGGATAAATGAATATCATCAAAATAAACA TACCATACAGCTTCATTTCTTATTACCAAAATGTCAAATACAGGTGTTAAG TCTTCACATTATTTCTGCTGTGCTCCCTTTATTTGTCCCTGTCAACTTT TCTCTGCTCATCTTCTCCCTGTGGACACTTCAGCAGAGGATGCAGCAGCA TGTTCAAGGATACAGAGATGCCAGCACAAATGGCCCACTTCAAAGCCTTGCA AGCAGTGATTGCCCTTTCTCTTAATACACTCCAATTTTATCCTGTCACTGTT ACTACAATTTGGAAACATGAATTAAGGAAGAAACCTCCTTTTGTGTATT TTGTGAGGTTGCATATATAGCTTTTCTTCTATCCCAATCATATGTCTTCAT TCTGGGAGACAGAAAGCTGAGACAGGCTTGTCTCTGTGTTGTGCGAGGCT GAAATGCCAGGCCAAATTTATGTGGGATAAAATCTCTTTGTGCTTTCATTTCC AATTTCTAAATATTCTTTGATTTTGACTGCATAAAT
>mGR12 aa (partial) GAIVNVDFLIGNVGNFIVVANIMD LVKRRKLSSVDQLLTALAVSRITLL WYLYIMKRTFLVDPNIGAIMQSTRL TNVIWIIISNHSIWLATTLISIFYFL KIANFSNSIFCYLRWRFEKVILMAL LVSLVLLFDIILVTNMYINIWTOEF	>mGR12 nt (truncated) TTTTCAGCAGTGACTTTGGGAAGCAGAACGTCCTCTTAGAGACAGTGGGTG CTGCTATCCTAGTTAATGTGGAGCAATAGTTAATGTGGATTTCTAATTGG AAATGTTGGGAATGGATTCAATGTTGTGGCAACATAATGGAACTTGGTCAA GAGAAGAAAGCTTTCTTCAGTGGATCAGCTGCTCACTGCAGTGGCCGTCTC CAGAACTCACTTTGCTGTGGTACCTGTACATAATGAACGAACATTTTAGT GGATCCAAACATTTGGTGCAATTATGCAATCAACAAGACTGACTAATGTTAT CTGGATAATTTCTAACCATTTTAGTATATGGCTGGCCACCACCTCAGCAT CTTTTATTTCTCAAGATAGCAAAATTTTCTAAGTCTATTTTCTGTTACCT

	GAGGTGGAGATTTGAAAAGGTGATTTTGGCATTGCTGGTGTCCCTGGT CCTCTTGTATATAGATATTTAGTAAACATGTACATTAATATTGGAC TGATGAATTC
>mGR13 aa MVAVLQSTLPIIFSMFIMGTILGNG FIFLIVCIDWVQRRKISLVDQIRTA LAISRIALIWLIIFLDWVSVHY9AL HETGKMLSTYLISWTVINHONFWLT ANLSILYFLKIANFSNIIFLYLKFR SKNVVLVTLLVSLFFLNTVLIK FSDVCFDSVQRNVSQIFIMYNHEQI CKFLSFTNPMFTFIPFVMSTVMFSL LIFSLWRHLKNMQHTAKGCRDISTT VHIRALQTIIVSVVLYTIFFLSEFV KVWSFVSPERYLIFLFWALGNVAF SAHPFVMILVNRRLRLASLSLIFWL WYREKNIEV	>mGR13 nt AAGCTTGTTTGTGTTTGGATGAATTCATTTATGCTATCAATTTAAGATT TTCATATGAATCATTAAAGAAATCTTGATAGTTGTTTGTGAGATATCACTTC TGCAATTTTAAATGAAATTACACTCATATTTTGAAGGAACAATATGTTT AAAGGAATATATTAAACAAATCTTCAGCAGTTACCTCAGAAGTTTGGGTATT GTTTACAGAAAATCGTGGCAGTTCTACAGAGCACACTTCCAATAATTTTC AGTATGGAATTCATAATGGGAACCTTAGGAAATGGATTCAITTTTCTGATA GTCTGCATAGACTGGGTCCAAAGAAGAAAATCTCTTTAGTGGATCAAATC CGCACTGCTCTGGCAATTAGCAGAATCGCTCTAAATTTGGTTGATAITTCCTA GATTGGTGGGTGTCTGTTTATTACCCAGCATTACATGAAACTGCTAAGATG TTATCAACATATTTGATTTCCTGGACGGTGATCAATTCATTGAACTTTTGG CTTACTGCAAACTTGAGCATCTTTATTTTCTCAAGATAGCCAACTTTTCT AACATTATTTTCTTTATCTAAAGTTTAGATCTAAAAATGTGGTATTATGTG ACCGTGTAGTGTCTCTATTTTCTGTTCTTAAATACTGTAATTATAAAA ATATTTTCTGATGTGTGTTTGTAGTGTCAAAGAAATGTGTCTCAAAT TTCATAATGTATAACCATGAACAAATTTGAAATTTCTTCTCTTACTAAC CCTATGTTACATTCATACCTTTTGTATGTCCACGGTAATGTTTCTTTG CTCATCTTCTCCCTGTGGAGACATCTGAAGAAATATGCAGCACACCCGCAAA GGATGCAGAGACATCAGCACCACAGTGCACATCAGAGCCCTGCAAAACCAT ATTGTGTCTGTAGTGTATACACTATTTTCTTATCAITTTTGTATAA GTTTGGAGTTTGTGTACCAGAGAGATACCTGATCTTTTCTTTGTCTGG GCTCTGGGAAATGCTGTTTTCTGCTCACCAATTTGTCATGATTTTGGTA AACAGAAGATTGAGATTGGCTTCTCTCTCTGATTTTGGCTCTGGTAC AGGTTTAAAAATATAGAAGTATAGGCTCCRAAGGCCACCAAGGAATCATTT TCCTTATCTTAAAGAAAAATCAGGAG
>mGR14 aa MLSTMEGVLLSVTSEAVLGIVGNT FIALVNCMDYNRNKLSNIGFILT LAISRIALVLIILITEAYIKIFYPQL LSPVNIIEILISYLWIIICQLNVWFA TSLSIFYFLKIANFSHYIFVWLKRR IDLVEFFLIGCLLISWLFSPVAVK MVKDNKMLYINTSWQIHMKXSELI NYVFTNGGVLFLLMIMLIVCFLLII SLWRHRRQMESNKLGRDLNTEVHV RTIKVLLSFIILFILHFMGITENVI CLLIPESNLLFMFGLTAFIYPGCH SLILILANSRLKQCSVMILQLLKCC ENGKELRDT	>mGR14 nt CTGCAGGTATATACCTACCTGAAGGCTTCATCTAGAGTAAACAAAGTAGT CTGTATAGTCTGCCATTCTCAGATTCTCTCAACTTCCCACCCTCCAGTG ACCTTTCTCCTTTTCTACAGTCAAAGTATGGACCTCACAAGCTGACACTTC TTAGATGCAAAATATTCTCAGAGAGCAAGTAAACATACAAAACAAATA CTTTAATTTGCCATTTAAACAAATGGCAAGAAAGATTGAGGCTTGACATC CTGTAGACAAGCTAAGGACAGGAGCAACTGAAGGGATCTCCATGAAGACT TTCAGATTTCTACCAAAAGTAATTTTAACTATATTAAGTCTTTAAAGAA AGAAAGTAAAGCCACTCTTTATTGAACASCAATAGATTGGAATCTTAAAC AACTGCAACAGAGGCCATTTTAAAGATCAACAAAGATGCTGAGCACAATGG AAGGTGCTCCTCTTTCAGTTTCAACTAGTGAGGCTGTGCTGGCATTGTAG GGAACACATTCATTGCACTTGTAACTGTATGGACTATAACAGGAACAAGA AGCTCTCTAATATTGGCTTTATCTCAGTGGCTTGGCAATTTCCAGAAAT GCCTTGTGTTGATCTTAATCACAGAGGCATACATAAAATATTCTATCCAC AGTTGCTGTCTCCTGTCAACATAATTGAGCTCATCAGTTATCTATGGATAA TTATCTGTCAATTGAATGTCTGGTTGCCACTAGTCTCAGTATTTTAT TCCTGAAGATAGCAAAATTTTCCCACTACATATTGTCTGGTTAAAAAGAA GAATTGATTAGTTTTTTCTTCTCTGATAGGGTGTCTGCTTATCTCATGGC TATTTTCTTTCCCACTGTGTGGGAAGATGGTTAAAGATAAATAAATGCTGT ATATAAACACATCTTGGCAGATCCACATGAAGAAAAGTGAGTTAATCATTA ACTATGTTTTTACCCTAATGGGGAGTATTTTATTTTATGATAATGTTAA TTGTATGTTTCTGTAAATCATTTCACTTTGGAGACATCGCAGCCAGATGG AATCAAAATAAATTAGGATTGAGATCTCAACACAGAAGTTTATGTGAGAA CAATAAAGTTTTATTGTCTTTTATCTCTTTTATATTGCAATTTTATGG GTATTACATAAATGTAATTGTCTGTTAATCCAGAAAGCAACTTGTAT TCATGTTTGGTTTGACAACTGCAATCATCTATCCGGCTGCCACTCACTTA TCCTAATTTCTAGCAACAGTGGGTGAAGCAGTGTCTGTAAATGATACTGC AACTATTAAAGTGCTGTGAGAATGGTAAAGAACTCAGAGACACATGACAGT CTGGAAACACATGCAATCTGGAATTTGTCAGTGGAAAAAGTTACTGAAGATCT TTTCACTTGCACTATGCTCTTTTATTGATTGGCATCATTATCAAGCACTG TTGGAGCCTTGTGAATCTTGTTCAGAGTCTTCTGCTCTCAAGGAATCAC ACTCC
>mGR15 aa MCAVLRSILTIIFILEFFIGNLNG	>mGR15 nt AATAATAGATTTTAAATATTCAGAATTTTAAAGTAATGTAGTATTGTTAG

FIELVQCMDLRKRRTEDHFLTA LAISRLALIWVLFLOSLFIQSPLL MTRNTLRLIQTAWNISNHFESIWFAT SLSIFYLFKIAIFSNVLFYFKRRV KRVVLVILLLSMILLFFNIFLEIKH IDVWIYGTKRNITNGLSSNSFSEFS RLILIPSLMFTLVFPGVSLIAFLLL IFSLMKHVRKMQYYTKGCKDVRTMA HTTALQTVVAFLLLYTFFLSLVVE VSTLEMDLSMLLFAKVTIMIFPSI HSCIFILKHNKLRQDLSVLKWLQY WCKREKTLDS	CAGCATAGCTTATAGGAAAAGTCCAAAGT TTTGATTTTGTAAATCTGA TTCCCCCAAATCAAGTATCAAGTTTACCTGACAGACAAGGAAGAGTGG CAAAATGTGCAATGAGAGCAACTTTATTTGACTGTCAGTACGTTGAAAT CAGTGTTCCTTAATCAGTTATGGATTGACATTTATGTGCACAGAACCTGG AAGAATTCAGCCAAGCTGGAGGTAAAAATCCAAATCTGATGATAAAAC CAAAAGTAATCACAGGTAATCTTCTTTATTTTCTTTTAACTACTGTA TATGGACATTTTTTAATACAGCATATTTTTTTTTTAAATTTAGAAAAAA CCACTAAGAAATATTACCAATGGAATAGACTTTAAAGTCACTTAGAGAAT GTGTGCTGTTCTACGTAGCATACTGACAATCATTTTCATTTGGAGTCTT CATTTGGAATCTGGGGAATGGATTGATAGCTCTGGTACAATGCATGGACTT ACGAAAGAGAAGAACGTTCCCTTCAGCAGATCATTTCTCACTGCTCTGGC CATCTCCAGGCTTGCTCTGATATGGGTTTATTTCTAGATTCATTTCTGTT TATACAAATCCCAATTAAGTACTGATGACTAGAAATACATTAAAGCTGATGAGAC TCCCTGGAATATAAGCAATCATTTCACTATATGGTTTGTACCAGCCTCAG CATCTTTTATCTCTCAAGATAGCCATTTTTCTAACTATCTTTCTCTTA CCTGAAGCGGAGAGTTAAAAAGGGTGGTTTGGTGATACTGCTGCTATCCAT GATCTTTTGTTTTTTAATATATTTTTAGAAATCAAAATATTTGATCTGTG GATCTATGGAACCAAAAGAAACATAACTAATGGTTTGAATCAACAGTTT TTGAGAGTTTCCAGGCTTATTTAAATCCAAAGTTAATGTTCACTTAGT ACCCTTTGGTGATCTTGATAGCTTTCCTCTCTCTAATCTTTCCCTTAT GAAACATGTAAGGAAGATGCAGTACTACACCAAGGATGCAAGAGTCTCAG AACCATGGCCACACACAGCCCTGCAGACTGTGGTTGCTCTCTCTATT ATATACTACTTTCTTTCTGTCTCTAGTTGTGGAAGTTTCAACACTTGAAAT GGATGAAAGTCTGATGCTCTGTTTGCAAAGTTACTATAATGATTTTTCTC TTCCATCCACTCTCTGATTTTCAATTTGAAACATAATAAGTTGAGACAGGA CTTGCTTTCAGTACTGAAGTGGCTACAGTATTGGTGCAAGCGTGAGAAAAAC CTTGGAATCATAGACCATTGTATGCATCACCTTGAATATTCTAGAGGGGTG TAGGTTCATATGAAAGTATTGAATTTTTAAATTTGAGCCTTTGTATATTT TCT
>mGR16 aa MNGVLQVTFIVILSVETIIGIFGNG EIAVVNIKDLVKGRXISSVDQILTA LAISRIALLWLILVSWWIFVLYPGQ WMTDRRVSMHSIWTTFNQSSLWFA TSLSIFYFFKIANFSNPIFLYLKVR LKKVMIGTILMSLILFCLNIIIMNA PENILITEYNVMSYSYLILNNTQLS MLFPFANTMFGFIFFAVSLVTFVLL VFLWKHKHQRKMQHSAHGCRDASTKA HIRALQTLIASLLYSIFFLSHVVK VWSALLBERTLLLLITQVARTAFPS VHSWVLILGNAKMRKASLYVFLWLR CRHKE	>mGR16 nt TTTATGATGGAAGAATAAAACCATTAGCAAGGCTTAATGGCTTGTGTTGGT ATTAGACCTGTACATTGTTTATGGAACATGATATGGAGCTTTGTTTATTGA ATATGCACAATATTTAGAAAGCATGTTTCAAAGAATCTTAAGTAATTACAA TAGAAATTTGAAGCATCCAAGTGAAGATGAATGGTGTCTTACAGGTTACATT TATAGTCATTTTGAAGTGTGGAATTTATAAATGGCATCTTTGGCAATGGATT CATAGCGGTGGTGAACATAAAGGACTTGGTCAAGGGAAGGAAGATCTCTTC AGTGGATCAGATCCTCACTGCTCTGGCCATCTCCAGAAATGCAGTCTGTG GTTAATATTAGTAAGTTGTTGATAATTTGTGCTTTAACCAGGACAAATGGAT GACTGATAGAGGAGTTAGCATAATGCACAGTATATGGACAACTTCAACCA GAGTAGTCTCTGGTTTGCTACAAGTCTCAGCATCTTTTATTTTCAAGAT AGCAAAATTTTCAACCCCTATTTTCTTTTATTTAAAGGTGAGACTTAAAAA AGTCATGATAGGACATTGATAATGTCTTTGATTCTCTTTTAAATAT TATCATATTGAATGCACCTGAGAACATTTTAACTCACTGAATATAATGTATC TATGTCTTACAGCTTGATTTGAATAACACACAGCTTTCTATGCTGTTTCC ATTTGCCAACACCATGTTTGGGTTCAACCTTTTGTGTCTCACTGGTCAAC TTTGTCTCTTGTGTTTCTCCCTGTGGAAACATCAGAGAAAGATGCAACA CAGTGGCCATGGATGCAGAGATGCCAGCACTAAGGCCACATCAGAGCCTT GCAGACATTGATGCTCTCCCTCTCTCTGATTCCTTTCTTCTCTCTCA TCTTATGAAGGTTTGGAGTCTCTGCTTCTGGAGAGGACACTCCTGCTTTT GATCACACAGGTTGCAAGAACAGCTTTTCCGTCACTGCACTCCTGGGTCTT GATCTGGCCAAATGCTAAGATGAGAAAGGCTTCTCTATGTAATCTCTGTG GCTGAGGTGCAGGCACAAAGAAATGAAACCTACAGTGTACAGACCTGGGGT ATATTTATGTGGATGATCTTACATATCTTAGAGGAAAATGGATTAAGAAGAA ATTCTCATATTTATAAATTTTAGGTCTGAATTACATAAAATGTATATAA TATTTTCAAAGTACAAGATAGTAGTTTATAACTTACATGATAAATCTGTCT TATGCATCTTCTAGTCTTTGTAGAATATGTAAGAACATGTT
>mGR17 aa MKHFWKILSVISQSTLSVILIVELV IGIINGFMVLVHCDWVKKKMSL VNQILTALSISRIFQLCLLFISLVI NFSYTDLTSSRMIOVMYNAILAN HFSIWIATCLTVLYFLKIANFSNSF	>mGR17 nt GAATTCCTGGTCTGGCACCCCTGAGCTGTGTGAGTAGACACATTATCATGGA AAGAGATTGAGAAATCTGTCTGCTGCAAAACTGCATGTTTGTCTCTGTGTA GTGTGTTGGGGAAGTTAAGAAAAATACATTTTATGAGAATCAACTCAGAG GTTGTGAGAAATGTGCAAAACAGCATTTTAAAAATTTACATCTCAACTGGA TATATGAGCAAGTCTTTATAACTGATATATAAATGAAGCACTTTTGGGAAG ATATTATCTGTTATCTCCAGAGCACACTTTCACTCAATTTAATCTGGGA

FLYLKWRVEKVVSVTL LLLLLL NILLTNLETDMWTNEYQRNISCSPS SHYYAKCHROVLRHLHIFLSVPVVL SLSTFLLLIFSLWTHHKRMQQHVQG GRDARTTAHFALQTVIAFFLLYSI FILSVLIQWKYELLKKNLFVVFCE VVYIAFPFTHSYILIVGDMKLRQAC LPLCIIAAEIQTTLCRNFRSLKYFR LCCIF	TTAGTAATTGGAATTATAGGAAATGGGTT GGTCTGCTCCACTGTATG GACTGGGTTAAGAAAAAGAAATGTCCCTTAATCAAAATCTTACTGCT TTGTCAATCTCCAGAAATTTTTCAGCTCTGTTTATGTTTATAAGTTTAGTA ATCAAGTTTTATATACAGATTAACTACAAGTTCAAGGATGATACAAGTC ATGTACAATGCTTGGATTTTAGCCAAACATTTAGCATCTGGATTGCTACA TGCCTCACTGTCTTTATTTCTAAAGATAGCCATTTTCTAACTCTTTT TTCTTTTATCTAAAGTGGAGAGTTGAAAAAGTAGTTTTCAGTTACACTGTTG GTGTCAATGCTGCTGCTGATTTTAAATATTTTACTAACTAACTTGGAAACC GACATGTGGACAAATGAATATCAAAGAAACATATCATGCAGCTTCAGTTCT CATTACTATGCAAAGTGTACAGGCCAGGTGTTAAGGCTTCACATTATTTTC CTGTCTGTCCCGTTGTTTTGTCCCTGTCAACTTTTCTCTGCTCATCTTC TCCTGTGGACACATCACAAGAGGATGCAGCAGCATGTTCAAGGGCCAGA GATGCCAGAACCCAGGCCCACTTCAAAGCCCTACAACTGTGATTGCAATTT TTCTACTATATTTCCATTTTATTTCTGTCTGCTTAAATACAAATTTGGAAA TATGAATTACTGAAGAAAAATCTTTTCTGTTATTTTGTGAGGTTGTATAT ATAGCTTTTCCGACATTCGATTCATATATCTGATTGTAGGACATGAAG CTGAGACAGGCTGCTGCTGCTGCTGATTATCGCAGCTGAAATTCAGACT ACACTATGTAGAAATTTAGATCACTAAAGTACTTTAGATTATGTTGTATA TTCTAGACAAAAATTAAGTATACAAATGTCTTTGTATTTTTCATTTTAA ATATCCTTTAAATTTTGACTGCATGAAATTGATTTCTGCTGCAATATAC TGATTAAGACTATTAAATTTTAACTAG
>mGR18 aa MVPTQVTIFSIIMYVLESLEIIVQS CTTVAVLFREWMHFQRLSPVETILI SLGISHFCLQWTSMLYNFGTYSRPV LLFWKVSUVVEFMNLTFWLTSWLA VLYCVKVSSTHPIFLWLRMKILKL VLWLILGALIASCLSIIPSVVKYHI QMELVTLNLPKNNSLILRLQQFEW YFSNPLKMGFGIPFFVFLASIIILL TVSLVQHWVQMKHYSSNSSLKAQF TVLKSLATFTFTSYFLTIVISFI GTVFDKKSFWVCEAVIYGLVCIHF TSLMMSNPALKKALKLQFWSPEPS	>mGR18 nt GCGTGGCTTCACAGAGCAGTATCTACAAAGCAATGTCAATGCTGCCATTG TATATTTCTCTAAAGACATTTTACATTTATCTCCCTGTCCCATTTGTGTGC AGAGCCACACTTCAATCAATCAATTCCTTAATTATAGCTATTGTTTCAT TATTTCAATTTCTACGTTTTTTTGCATTTTACTAAAATCCAAAGCAGAC ATTTTCTAATTATATCTCAATGTAGTTAGAAATTTTAAAAATATATATCT ATTTTCTTTGACCACTGAGTTTCAGTAGGTTTTGAAGGTTTATGCTTAACA ATTGAACATTTTCATGTTAGATTATCTGCTGCTTCTTAATCTTGAATAATTA AATGTCCATCCAGGCTTAGAATTACAGAGTCAACAGCTTTTCACTTGATT CTCTCACTATCTATCAATGACTAGAATCTGTCTGCTCACTTTTGAACCGGT AATTAAATAGTTGGTGGTTATTTTAAAGGGTGGCCCATGCCAAGAGAAAATG TATTTCTTCTCTAGATGCTTCTGCTCTTTACAAGTTACATGCTTTACTGAT GGTGAATTGGTTTTCTTCCAGTTTCATCTGGGTTAAGTGACCTAAGAACCCTA GCCATGGAAGGAGAAACAGAAAGCAAAATATTAAAGATACAAAGCAAGTTCC AGAACATTTGGAAGTACTTAGTAAAGGCATTGGAATTAGCAAAAGAAATAGT AGCGAAGCAAAAATATCTTCACTCTCCATTTGGGAGGTCAAGAAAGACTATGC AGTGTTTTTGTATGCACTTGTCTCTGAGTTAGAGGATTCAAGCACACAC TTTTGAGATTGAACCTTCAACAGGTGGAGCCAGCAGACCTGAGCTTTAGGAA TGATGGTGGAAATTTCCAAAGCAAGACTTCCGTTACCTTTTTGTATGCTCCCT AACAAATTCGGTTGCAATGCTCACACCGCCCACTGTTGAAATGCTTGGGAA AAGGGATTCTGAGACTGGCATTAGTATGTCTTTGACAGAAATGSAACATT GCCAGGGCATTAATGCACAGTAAAGGATTACCTTTTCTAAGTGCTCAAA TTTTAAATTTGhATATTTTGAAGACATTATTTAAAGAAAGGTGGAGAG GATATCCAAACAGCACCTTGAGCAGATAAAGAGGTGAAGAAGAAAAACAA CATGCGTACATGATGGATTTCTCTTTATGAAAATGATCAAAATGATCTTAGG ATCAAGAAATCCACACCTGAATGAGATTGCTTGTATCCCTGTGTGAATTTG ACCTAACAAAGCAAGGCACAGACAAATGCTGTAGATAGGGAAATGCTATGT CAAAATGTGTGAAGGAGGATTTGCATCCACAAGAAAGTGCCTCTTATACT GAGAGTGCTAAGAACACATGTCCGTTTCAATTCGGAAAGTGGTATAGAGC TGTTGAGTCTTTGGCTAGGAAGAGACTTCAGAGTGGGAAGCATGGTGCCAAAC GCAAGTCACCATCTTCTCCATCATCATGTATGTGCTTGAGTCTTAGTAAT AATTGTGCAAGTTGCAACAGGTTGCAAGTGTCTTTCAGAGAGTGGATGCA CTTTCAAAGACTGTCAACGGTGGAGAGGATTCTCATCAGCTGGGCATCTC ACATTTCTGTCTACAGTGGACATCAATGCTATACAACCTTTGGTACTTATTC TAGGCTGTCTTTTATTTTGAAGGTTATCAGTCTGCTGGGAGTTTCATGAA CATTTGTGACATTTCTGTTAAACAGTTGGCTTGTCTGCTCTACTGTGTCAA GGTCTCTTCTCTCACTCACCCCATCTTCTCTGCTGAGGATGAAATCTT GAAACTGGTTCTCTGTTTGAAGTGGTCTGCTGATAGCTTCTTGTGTGTC AATCATCCCTTCTGTTGTTAAATATCACATCCAAATGGAATTAGTCACCTC AGATAATTTACCCAAAGCAAAATCTTTGATTCTAAGACTACAAAGTTTGA ATGGTATTTTTCTAACTCTTTAAAAATGATTGGCTTTGGTATCTCTTCTT CGTGTCTCTGCTCTATCATCTTACTCACAGTCTCATGGTCCAACACTG

	GGTGAGATGAACACTACAGCAGCAGCAATCCAGCCTGAAAGCTCAGTT CACTGTTCTGAAGTCTCTTGCTACCTTCTTCTCTTCCACATCCTATT TGTGACTATAGTCATCTCTCTTATTGGCACTGTGTTTGATAAGAAATCTTG GTTCTGGGCTGCGGAAGCTGTCACTATGGTTTAGTCTGTATTCACTTCAC TTCAGTGATGATGAGCAACCTTGCATTGAAAAAGGCAGTGAAGCTGCAGTT CTGGAGCCGAGAGCCTTCTGAGGCAGGAAACACAGTTAAGCCTCTAGGGT AAGGAGACTTTGCATTGGCACAGTCCCTATAGTGAATGCAAACTTGAACA CAAACTTCATCCCTTTTACATCCACAAATGGCTGCATCTATACATCATCA CCAGTCTTCCCTGTATTCTGACCCATTCTCTTCTGTCTATCCATAGTCC CCAGGTTGGTTTTGATTTTCTCATGATCACACCAACTCTGCTTAGCTTTT GCCACCACTGTAATAGTAAACATGGGGTGTCTATATATTACAGTCAAAAT CATTCTCACATTGTTGATTGCCTCACAAATTCATATAAATCCCCCTTCTGT TCAGGAATTATTGTCTGCTCACTTAATGCTCACCATATATTAAAGCCATT AATTCCTCTTCTACCTTGAGTTTAAAGAGGAAATGTCTTACCATTGCC CACACCTATTCTGCTGCTTCTAGACTTTTATGCAAGTGATTATACACAC ACACACACACACACACACATACAAACAC
>mGR19 aa MMEGHMLFFLLVVVVQFLTGVLANG LIVVVNAIDOLIMWKKMAPLDLLFC LATSRIILQLCILFAQLGLSCLVRH TLFADNVTFVYIINELSLWFATWLG VFYCAKIATIPHPLFLWLKMRISRL VPWLILASVVYVTVTTFIHSRETSE LPKQIFISFFSKNTTRVRPAHATLL SVFVFGTLPLFLIFTVAVLLLLSSL WNHSRQMRTMVGTRPSRHALVSAM LSILSFLILYLSDHMAVLICTQGL HFGSRIFAFCLLVIGMYPSSLHSIVL ILGNPKLKRNAKTFIVHCKCCHCAR AWVTSRNPRLSDLPVPAHHSANKT SCSEACIMPS	>mGR19 nt CTGCAGCCTAGAGAACTAATGCATAGGAACTTATATTCCACCTCCGTGA CGTCACTCTGACAGAAGTGAAGTATATTCCACCTCCGTGACGTCACTCT GACAGAAGTGACTTGTTTTTGTATGATGCTCCAGGATGCCTCATTAGCATT GAGGACAATCATAAATTAAGTAAGGCAAGGCATGAAGGTGGTCTCTCACTAGG TACCTGGAGGCTTCTGTTGATGATTACTTGTGACTCTGACACTTA AGAAGACCTGAAAAATGCAAAAGCTGTCTAAGGCACAGTTCGTTTCTATG GTATCTCTTCTTATTGACTGACATTGAGTTGAGAAAGCAGCACTATAAA CAAAATGGGCCCCACCTTCTCTTCCATTGTCTTGGGTGGGCATCTCTCC AAAGGAACCTTGGTCTAGTTGAAAGAAAGCCAGAAATCATACATGGCTGAGA CTGTGCATAACTCTATGATCATTTAAAGAAGTCATTGGTTCTTCTTATTT TAAATGATGGAAGGTGCATATGCTCTTCTTCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCA GTTTTAACTGGGCTCTTGGCAAAATGGCCTCATTGTGGTTGTCAATGCCAT CGACTTGATCATGTGGAAGAAATGGCCCCACTGGATCTGCTTCTTTTTTG CCTGGCAGCTTCTGGATCATTCTCAATTGTGTATATTGTTTGCACAGCT GGGTCTATCTGTTTGGTGAGACACAGTTATTGCTGACAAATGTTACCTT TGTCTACATTATAAAGCAACTGAGTCTCTGTTTGGCACATGGCTTGGTGT TTTCTACTGTGCCAAGATTGCTACCATCCCTCAGCCACTCTTTCTGTGGCT GAAGATGAGGATATCCAGGTTGGTGCCATGGCTGATCTGGCATCTGTGGT CTATGTAACCTGTTACTACTTTTATCCATAGCAGAGAGACTTCAGAAGTTCC TAAAGCAAACTTTATAAGCTTTTCTTAAATAACAATCGGGTCAGACC AGCGCATGCCACACTACTCTCAGTCTTTGTCTTTGGGCTCACACTACCATT TCTCATCTTCACTGTGCTGTCTGCTCTTGTGCTCTCTCTGTTGGAAACA CAGCCGGCAGATGAGGACTATGGTGGGAAGTGGGAACCTTACGACATATGC CCTGCTCAGTGCCATGCTCTCAATTCTGTCTCTCTCATCTCTCTCTCTC CCATGACATGCTAGCTGTTCTGATCTGTACCCAGGGCTCCACTTTGGAAG CAGAACCTTTGCATTCTGCTTATTGGTTATTGGTATGTACCCCTCTTTACA CTCGATTGTCTTAATTTTAGGAAACCTAAGCTGAAACGAAATGCAAAAAC GTTCAATTGTCCATTGTAAGTGTGTGTCATTGTGCAAGAGCTTGGGTCACTC AAGGAACCCAGACTCAGCGACTTGGCAGTGCCTGCTACTCATCACTCAGC CAACAAGACATCTGCTCAGAAAGCTGTATAATGCCATCTTAATTGTCCAA CCTGAGGCTTAATCATTTCAAAGGGTAAATTTGATGATCAAAAGCCCAACACA TGATATGACATCAAGGTCCATATCCAGTAGTCATGTGGAATACCACCTT GCAAAATGATGTCATTGAGAAACAGGGCAATGGAGTCTAGGTCTTTTCAG TATGATTGCTGCAG
>mGR20 aa MNLVEWIVTIIMMTEFLGNCANVF ITIVNFIDCVKRRKISSADRIITAI AIFRIGLLWAMLTNWHSHVETPDTD NLQMRVFGGITWAITNHFTTWLGTI LSMFYLFKIANFNSLFLHLKRLD NVLLVIFLGSSFLVAYLGMVNIKK IAWMSIHEGNVTTKSKLKHVTSITN MLLESFLINIVPFGISLNCVLLIYS LSKHLKMKFYGKGQDQSTMVHIK ALQTVVSFLLLYATYSSCVIISGWS	>mGR20 nt CTAGATGGGCTGTTTCATATAATGACTGGAAGTCCCTACATGCTCCAGCTC TTGAGTTCTAAAAATTTCACTAACAAATTTTGGACTGCCATAAATAATTGAAG GTTTAAAGAAAGAACACATTGAAGCAATGGACAGAAATCTCTTTATT TGACTCTTAGCAATTTGGAATGCAGCATCGTTTCAAGAGCAGCACTGAAAT ATACCAGTCAATGGCAGAGAGTAAAAAGTATGCAATGGAGACATTATGG TAATATAAATTTCCATTAATAATGAGACTGCATTACCTATTACAACACAT TGCTATTTCTGCTCAACACAGAGTTAAAAAGAAACAAAGAACTGTGTATACA TTCAAGTTAGTCACAAGTATAATTATGTTTACATATTTTAAAAAATGAATC ATGATCTGTGAATTTAGGCTGGCTTTTTTGTCTCTCTCTTTTATTCTTT TCCTTTAGACAGACACAATGAATTTGGTAGAATGGATTGTTACCATCATAA TGATGACAGAAATTTCTTLAGGAAACTGTGCCAATGTCTTCAACCATAG

LQNPVFLFCVTIGSFAGHSCIL IWGNQKLKQVFLLLRQMRG	TGAACCTTCATCGACTGTGTGAAGAGAAGATCTCTCTCAGCTGATCGAA TTATAACTGCTATTGCCATCTTCAGAATTGTTTGTGTGGGCAATGTTAA CGAACTGGCATTACATGTGTTTACTCCAGACACAGACAAATTACAAATGA GAGTTTTCGGTGGAATTACCTGGGCTATAACCAACCAATTTACCACTTGGC TGGGGACCATACTGAGCATGTTTTATTTATTCAAGATAGCCAATTTTCCA ACAGTCTATTTCTTCATCTAAAAAGAAAATTGACAAATGTTCTACTTGTGA TTTTCTCTGGGATCGTCTGTGTTTGGTTGCATATCTTGGGATGGTGAACA TCAAGAAGATTGCTTGGATGAGTATTCATGAAGGAATGTGACCACAAAGA GCAAACTGAAGCATGTAACAAGCATCAAAATATGCTTCTCTCAGGCTGA TAAACATTGTACCATTTGGTATATCACTGAAGTGTGTTCTGCTTAAATCT ATTCCCTCAGTAAACATCTCAAGAAATGAAATTCATGGCAAGGATGTG AAGATCAGAGCACCATTGGTCCACATAAAGCCCTTGCAAACTGTGGTCTCTT TTCTCTTTTATATGCCACATACCTCTCTGTCTCATATATCAGGTTGGA GTTTGCAAAATGCACAGTCTTCTCTTTTGTGTGACAATTGGATCTCTCT ACCCAGCAGGTCATTCTTGTATCTTGATTGGGGAAACAGAAACTTAAAC AGGCTTTCTGTGTTGCTGAGGCAGATGAGATGCTGACTGAAAAATGAA AGTCCCTCTGTCTAG
>mGR21 aa MGSNVYGIILTMVMAEFVFGNMSNG FIVLINCIDWVRKSTLSSIGWILLF LAISRMVLIWENLITWIKYMKYSFS FVTGTELRGIMFTWVISNHPSLWLA TILSIFYLLKIASFSKPVFLYLKWR EKKVLLIVLLGNLIFLMLNILQINK HIEHWYQYERNITWSSRVSOFAGF SNLVLEMIIVFSVTFITVALVSFIL LIFSLWKHLQKMLNSRGERDPSTK AHVNALRIMVSFLLLYATYFISFFL SLIPMAHKTRLGLMFSITVGLFYPS SHSFILILGHSNLRQASLWVMCYLK CGQKH	>mGR21 nt CTCTTTTGAAGACAATAGTTGTTCTACTAGCTATTGATAGCATGTTTACAT TTGTCAATTTCAAGTATGTTTCAGAAACAAAGCTACATATTGTGGGGAGTAT ATAAATATGAAAGCATGCCATTCCCAGGCATCCAAGGATCCCTGTGTATT AAAAGGCAACAAAGCAGAACCAAAATGTTCTGTTTGGACATGAGCTTCTTC CAATTCAACTGCTGAAAAATTTGGATAACTACATATAAACTAAGAACACA GAGTGTCCACAGAGCAGTCTCTGCTCTGCAATTCACAGGATTAATTTGAC AGACCCAAAAGATGTCAATTTAGGTAAATTTGGATGAATCATATTGTTGTC ACCTTTGTGCTCTAGAACATAAGCTGATAGAAATCAAAATTTCTTTAGCAGA GACAAATGCAAAATGATATAACAGTGAAAGAGAAATATATCTTTATTTGCATG TTAGCAAAATGACAGCTGGATGCACCTTCATGATTTCTGCAATCTAGTTGAG TCTTTAGAGGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT ATATATATATATAAACCTTAGTCTTGAAAGATATCAGAAAGAGGATTTCA CAAGAAATGTACAGAGCCATTAGCAAAATTTAATATACTCATCGACATTAG GTCACTCATACATAAGAAAGGACTTGAATGAAAGCTTATCTTAGTTTGTGA GACTACAGGGACATTTCACTTGGCAAAATGAGAAGCAGTGAGTCTTCTTTG TCTGGACATGGGAAGCAATGTGTATGGTATCTTAACTATGTTTATGATTCG AGAGTTTGTATTTGGAAATATGAGCAATGGATTCAATAGTCTGCTGATAAATG CAITGATTGGGTGAGGAAAGGAACCTTTCTTCCATTGGTTGGATCTCTGCT TTCTTGGCCATTTCAAGAAATGGTGTGATATGGGAAATGTTAAATAACATG GATAAAAATATGAAGTATTCATTTCAITTTGTGACTGGAACAGAAATTAGC GGGTATCATGTTTACCTGGGTAAATTTCCAATCACTTCAGTCTGCTGGCTTGC CACTATTCTCAGCATCTTTTATTTGCTCAAAATAGCCAGTTTCTCCAAACG GGTTTTCTCTATTTTGAAGTGGAGAGAGAAGAAAGTGCTTCTGATTGTCTCT TCTGGGAAATTTGATCTTCTTGATGCTCAACATATTACAAATAAACAAACA TATAGAACACTGGATGTATCAATATGAGAGAAATATAACTTTGGAGTTCTAG AGTGAGTGACTTTGCAGGGTTTTCAAATCTGGTCTTATTTGAGATGATTTGT GTTCTCTGTAAACCAATTCACAGTGGCCCTGGTCTCTTTCATCTCTGTTAAT CTTCTCTTGTGGAAACATCTACAGAAATGCATCTCAATTTGAGAGGGGA ACGAGACCCCAAGCACTAAAGCCCATGTGAATGCCTTGAGAAATATGGTCTC CTTCTCTTACTCTATGCCACTTACTTCAATATCTTTTCTATCAITGAT TCCCATGGCACATAAAACAGCACTGGGTCTTATGTTTAGCATAACTGTTGG GCTTTTCTACCCCTCAAGCCACTCATTATCTTAAATTTGGGCAATTTCAA TTTAAGGCAAGCCAGTCTTTGGGTGATGACATATCTTAAATGTGGGCAAAA GCAATAGAAATTTCACTATTCCATAAGGCAGCCAAACCAAGTGTCTACTAGGT ATATGATACTACTCAGTGGTAAAGCCCTAGGCCAAACATTAACTTAGAAAA TATATAAATTTGTGACTCTTCTGTATTGTATAAATCACTCACATATTTAGA AGAATGCTACAGTAGTGTGATCTTGTACATGATTGTAACCAATCAATTTTA TTAATATAGTTTCAGGCATGATAACATACCCCTGATAACTGAAAAGTAAGTA GGATGCTACATATATATTTAGATCTAGACTTAGGGGCAAGAGAGACCCAG CTGATAGCTGTGCAATAAAGATTTTAAATTTTCACTCTGTTGTGAGTTATCT GAAATCTATGTCACTGAAGGCATTAAGCAAGATTTTCAACACTGAAACCAAT CTCTTATGCTTTCTTATATTGTTTTAAAGTAAATTAGAAAAATTTAAATTA ACTTAATGGCAATTTGAAATTAACAAAGCTAAACACATGTGGTTATTAGAAA TTAGACTGTATGAGGTCTAGGGGATGGCTTAGTAAAGTCTTTGTTGCA AGCTTCAGGATATGATTCTAAATCCCTAGATTCAATTAACAACTGGCATA

	AATAGCCCAATGTAAAAATTGCTGTGTAATTAACCACTGCTAAGAGTAGC AAGACAACAAAATGTTTACTTTTAAAAACCAATTATGATATTCTTTTAAAA ATAGGTATGTATTTTACTATTTTAAATAAGATTTTGTCAAAGCTAGTCTTG ACACCTTAGGTAAACATAGGAAGGCAACAGTTTGAAGTCAGCTACTGGGG ACAGTGCTGCTAGCAGCTGACAGAGGCCACTGCTGACTACAGCAGATCATT TACAGGTTGAGCACTAG
>mGR22 aa MSSLLEIFFVLIISVVEFIIGTLGNG FIVLINSTSWFKNQKISVIDFILTW LAISRMCVLWTTIAGASLRKFYKTL SYSKNFKFCFDIWTGSNYLCIAC TCISVFYLEKIANFNSNIFFWIKQR IHAVLLAIVLGLTLMYFIFLIFMKM IANNEFIYKWKLEQNTTFPVLOTLS GFLVYHSLYNGILIFFFIVSLTSL LLIFSLWSHLRMLKLGINTKDIST EAHIKAMRTMMSFLFFIYYTISNI MLIVASSILDNVVAQIFSYNLIFLY LSVHPFLVLVWNSKLKWTQEVLRK LVCHCGGYS	>mGR22 nt AAATGAATAATTTTCATGCCAAGGATACCATTAGAATATGATCACTATTTAA ATTTTAGCAAAATACATATTCAAATACCAGCACAATGTTTCAAATTTAAAAAT ATAAACATTATAAAACCCAGCAGAGAACAATAATGATAGCCTTGATAATTGT TGGTTTGTCTCAAGAAAAATGGGTGTATACTTTAACATTTAATGGGAATCT AGTTGAGAGCATACATTTAGGGTTTACAGAGGTATTGATTGCCCATTTTAA GATTTGGATTACACATCTACATCAATGTGGCTGTAATCCATTTTCCCATG ATGAATAAGGTAGAGACTGCTTATAAACGACATGTCGAGCCTACTGGAG ATTTCTTTGTGATCATTTGGGTGTAGAAATTCATAATAGGAATCTTGGGA AATGCAATTTATTGCTCTGATAAACAGTACTTCTTGGTTCAAGAAATCAGAAA ATCTCTGTAATTCATTTCTTCTTACTTGGTTGGCCATCTCCAGAAATGTGT GTTCTATGGACAACAATTGCTGCTGCTCTCTCAGGAAATTTCTACAAGAGC TTAAGTTACTCTAAGAAATTTCAAATTTTGTGTTGACATTAATCTGCACAGGA TCCAACTATTATGATAGCCTGTACAACGTCATCAGTGTCTTCTACTTG TTCAAGATTGCCAACTTTTCTAATTCATTTTCTTCTGCAATTAACAGAGA ATTGATGCACTACTTCTGGCTATTGCTCTAGGCACACTCATGTATTTTCATT TTATTTCTCATTTTATGAAAATGATAGCTAATAATTTTATCTACAAATGG ACAAAATTTGGAACAAAACACAACATTCCTGTTTATGATACTCTAAGTGGT TTCTTAGCTACCATAGCCTCTACAATGGGATTCTCATTTCTTTTATA GTGTCTCTGACCTCATTTCTTCTTTAATCTTCTCTTTATGGAGCCACCTT AGGAGGATGAAACTACAGGCGATACATACCAAAGACATAAGCAGAGAAGCA CACATAAAAGCTATGAAAATATGATGTCATTCCTTTTGTCTTCTCATATA TATTATATTAGCAACATTATGCTTATTGTGGCAAGCTCCATCTTGCACAA GTGGTTGCACAAATTTTCTCTATAACCTAATAATTTCTGTATTATCTGTT CATCTTTTCTTCTGGTTTATGGAACAGCAATTTGAAATGGACATTCAG CATGTATTGAGAAAGCTGGTGTGTCATTGTGGAGGTTATTCTTGATTCTAG TAAATACACTCAATATACTGATGGATTCTAAGGTAAAGAAAAATGGAACA AGGAATAAAGAGGAGAAATATATTCCTTTTACAGATCATCTGCTCTGTCAAT CTGTCTTAGCATGCTATTAAGAAATGTTGACTAAATCCAGTCATTTTTAA CATGAGGAAAGGATGTTTCAATCCAACCTAGAGAGGGTACAAAATAGTCTCT AGGAGGCGAG
>mGR23 aa MFSQKINYSHLFTFSITLYVEIVTG ILGHGFIALVNIMDWVKRRRISSVD QILTALALTRFIYVLSMLICILLFM LCPHLPRRSEMLSAMGIFWVNSHF SIWLTTCLGVFYLKIANFNSNFEEL YLKWRVKVILIIILASLIFLTLHI LSLGIYDQFSIAAYVGNMSYSLTDL TQFSSTFLFSNNSNVFLITNSSHVF LPINSLFMILPFTVSLVAFMLLIES LWKHHKKMQVNAKQPRDVSTMAHIK ALQTVFSFLLLYAIYLLFLIIGILN LGLMEKIVILIFOHISGAVFPISHS FVLILGNSKLRQASLSVLPCLRCQS KDMDTMGL	>mGR23 nt AATTTTCAGCAACCAATATGTAGACTGCTTAAATGCATCAGAAACATTATA AATTGAAGCATGTTTTCACAGAAAATAAACTACAGCCATTGTTTACTTTT TCAATCACCTTGATGTGGAAATAGTAACGGGAATCTTAGGACATGGATTCT ATAGCATTAGTGAACATCATGGACTGGGTCAAAGAGAGGATCTCTTCA GTGGATCAGATTCTCACTGCTTTGGCCCTTACCAGATTCAATTTATGCTCTG TCTATGCTGATTTGCATATTGTTATTGATGCTGTGCCACATTTGCCCTAGG AGATCAGAAATGCTTTACGAATGGGTATTTCTGGGTAGTCAACAGCCAT TTTAGCATCTGGCTTACTACATGCTTGGGTGCTTTTATTTCTCAAGATA GCCAATTTTCTAAGCTTTTTTTCTTTATCTAAAGTGGAGAGTTAAAAAA GTGATTTTAAATAAATCTGGCATCACTGATTTTCTTGACTTTACACATT TATCTTTAGGGATATATGATCAGTTCTCAATTGCTGCTATGTAGGAAAT ATGCTTTATAGTTTGCAGATTTAACACAATTTCCAGTACTTTCTTATTC TCCAACTCATCCAATGTTTCTTAAATCAGCAACTCATCCATGTTTCTTA CCCATCAACTCCCTGTTCTGCTCATACCTTCCAGTGTCCCTGGTAGCC TTCTCATGCTCATCTTCTCACTGTGGAGCATCACAAAAGATGCAGGTC AATGCCAAACAACCTAGAGATGTCACTACTATGGCCACATTAAGCCCTTG CAAAGTGTGTTCTCTCTCTGCTGCTGTATGCCATATACTTACTTTTCTT ATCATAGGAATTTTGAACCTTGGATTGATGGAGAAAATAGTGATCTGATA TTTGACCACATTTCTGGAGCAGTTTCTCTATAAGCCACTCATTTGTACTG ATTCTGGGAAACAGTAAGCTGAGACAAGCCAGTCTTTCTGTGTGGCTTGT CTAAGGTGCCAGTCCAAAGATATGGACACCATGGGTCTCTAGTAAATCCA GAGTACATTTTGTAAAAATCTTGAGGATGATCAGTTCTAGAAAAAAGTTA CCTTATGGGGGAAAAATAAAAAGTGGGGCTTCAATCTGGGAGTAATAATAC ACAGGAGGTTAGGACAGCATGAGGAGAGTACAGTATATAAGTGGTCTCA TACAGGATATGGGAAAGGAAGATTATGCAATTAAGAGGGAGATCATATT

	GGAGGATGAGGAGGCATTACATATGTAAGACTATAAGAATGGAATCAT GCTAATCTAAAAAATCTGTAATGCATTTCAITCAGACTATATACATATAT GCCTATATATGGATATATGGGATATATATTTCTATACATATTTTAAAGAA CCTTTCTTATATAG
>mGR24 aa MVPVLHSLSTIILIAEFVWGNLSNG LIVLKNCIDWINKKELSTVQILIV LAISRISLIWETLIWVKQQLISSI TIEELKIIIVFSFILSSHFSWLATA LSIFYLFRIPNCYWQIFLYLKWRIK QLIVHMLLGSVFLVANMIQITITL EERFYQYGGNTSVNSMETEFSSILIE LMLFNMTMFSIIPFSLALISFLLLI FSLWKHLQKMPNLSRGDRDPSATAH RNAALRILVSFLLLYTIYFSLSLISW VAQKQSELVHIICMITSLVYPSTH SYLILGNXYLQKQTSLWVMRQLGCR MKRQNTPTT	>mGR24 nt CAAAGAGGAGAAATATTTAGCTACACAGTGTACCACATACAAGCCGTTCAA TCAGTATAAGGGGAGCAGTCAATAGAAATTTGGGCTTTCTTTCTTTAATA TGGTACCTGTTCTGCACAGTCTCTCCACCATCATACTAATTCAGAGSTTTG TTTGGGAAATTTGAGCAATGGTTTGATAGTGTGAAGAATGCAATGCACT GGATCAATAAAAAAGAGCTCTCCACAGTTGATCAAACTCAATTTGCTTGG CAATTTCAAGAATTAGTCTCATCTGGGAAACACTAATTATATGGGTAAAG ATCAACTAATTTCACTATTACTATTGAAGAATTAAAAATAATTTGTGTTC GCTTTATACATCTAGCCACTTCAGTCTCTGGCTTGTCTAGAGCTCTCAGCA TCTTCTATTTATTGAGAACTAATTTGCTACTGGCAGATCTTTCTCTACT TGAAATGGAGAAATAAGCACTGATTGTCCACATGCTTCTGGGAGAGCTTGG TGTTCTTGGTTGCAAAATATGATACAGATAACCATCACTCTTGAAGAGAGGT TCTATCAATATGGAGGAAATACAAAGTGAATTTCCATGGAGACTCAGTTCT CAATTTTGATAGAGCTGATGTTATTTAACATGACTAGTCTCTCCATTATAC CATTTTCATTGGGCTTAATTTCTTTCTTCTGCTAATCTCTCTTATGGA AACATCTCCAGAAGATGCCACTCAATCTAGAGGAGATAGAGACCTTAGTG CTACGGCCCAAGAAATGCCCTTGAGAATTTTGGTCTCCTTCTCTCTGCTCT ATACTATATATTTCTGCTCTCTTCTATATCATGGGTGCTCAGAGAAATC AAAGTGAAGTGGTTCACATTATTTGTATGATAACTTCAGTCTGTATCTCT CATTCACATCATATATCTGATTCTGGGAAATTAATAATTAAGCAGAGCTT CTCTTTGGGTAATGAGGCAGCTGGGATGTAGGATGAAAAGACAGAAATACAC CAACTACATAAGGCCAGCCAAACAGTCTATTGGGTTTAGATAAACAAATCTA AATCTATGAGGAGTAGTGTCAATAACATTTTCCCTTGACATGGAGTAGC AGGGTTTCTTTTATAGATATTTTCTTTACTTACATTTCAAAATGCTATCC CGAAAATTCCTGTACCTCTCCCTGTCTGTTCCCTACCCACCCACTCC CACTTCTTGGCCCTGGCATTCCCTGGAGTATCAGTTTTATTAGTCAAA CTATCTCACTGACTAAGGGTCATAAAACAAGTTATTTAACCATATTTCA ATTAAATCAAAAGGTAAAGTGTGAGCAGATGCTTTAATCAGACATATCCAT CAAATTCAGCACTCAGGAGAGGGTGATCTCTGTGAATTCAGCAGACTGGC GGCCGTTACTAGTGGATCCGAGCTCGGTACCAAGCTT
>mGR25 aa MMGEAIDILWAAIIIVQFIIGNIAN GFIALVNIIDWVKRKISLMDKIIT ALASRIYLLWSTFLITLTSSLDPO IKMAVKIIRISNNTWIIANHFSEWF ATCLSIIFYFLKIANFSNYIFLYLRW RFKXVSVTLLISLIFLLNILLMN MHIDIWSDKSKRNLSFSVRSNNCTQ FPRVLVLLINTMETSIPFTVSLAFL LLIFSLWRHLKTMQYYAKGSEDTT AAHKKALHMVVAFLFYTVFFLSLA IQYWTSGSQENNNLFYATIVITFPS VHSCILILRNSQLRQASLLVLWLL CKSKDVRMLVP	>mGR25 nt AAAACATTCGAATTGAACACAGTAACCAATTTCTTCAGCGGACTTACACAA ATCAAGCTATTATCTTATGGATGATGGGTATTGCCATAGATATCTTATGG CAGCTATTATCATTTGCAATTCAATTTGGAATATTGCAAAATGGATTCA TAGCAATTGGTGAACATCATAGACTGGGTGAAGAGAGAGAAATCTCTTAA TGGATAAGATCATTAAGTCTTTGGCAATCTCTAGGATTTATCTGCTGTGGT CTACATTTCTAATTAACATAACATCTTCACTGGATCCAGATATTAATAATGG CTGTGAAAATCATTAGAATAAGCAATAACACCTGGATTATTGCAAACTATT TCAGCAATTTGGTTTGCTACATGTCTCAGCATCTTTTATTTCTCAAGATAG CCAATTTTCTAATTAATTTTCTCTACTTAAGGTGGAGATTTAAGAGG TGGTTTCAGTGACATTGCTAATCTCTCTTATCTTCTGCTTTTAAATATT TACTGATGAACATGCATATTGATATCTGGAGTGATAAGTCCAAAAGAAACC TTTCTTTTAGTGTGAGATCAAAATAATTCCACTCAGTTCCAGACTTGTCC TTTTAATCAACACAATGTTCCATCAATCCCTTCACTGTGTCCCTGTTGG CTTTTCTGCTTCTCATCTTCTCCCTGTGGAGACACCTGAAAACCATGCAAT ACTATGCTAAAAGGCTCCGAAGACACCACAGCTGCACATATAAAGGCCT TGACATGGTATGAGGCTTTCTCTGTTCTACACAGTTTCTTTTGTCTC TTGCCATACAAATTTGGACCTCTGGGTCTCAAGAGAAATAACACCTGTTTT ATGCCACAATTTGAATTACTTTGCCCTTCACTCCATTCAATGATCTGATTC TGAGAAACAGCCAGCTGAGGCAGGCATCTCTGTGGTGTGTGGTGGCTGC TGTGCAAGTCCAAAAGATGACGGATGTTGGTTCCCTGAAATACTCTGTCAA TGCTCTTTAGTAGTGAAGAAGAAATAGCTTAGTTAAGGAAATCTTGTTC ATTACCGAAGTATACTTTCAAGTTTATGTATC
>mGR26 aa MLPTLSVFFMLTFVLLCFLGILANG FIVLMLSREWLLRGRLLPSDMILFS LGTSRFFQOCVGLVNSFYFLHLVE YSGSLARQLISLHWDFLNSATFWFC	>mGR26 nt GAATTCTAGACAAGGAAAGACACACACTAAATGACTTACTTGTGGGACCT AAAATAACCAAAATAAGTCAAAATCACAGTGATGTACTAGGGATCTAGGA TAAGGGAATGAAGAGAAAGATGTTGGTCATAGAGTACAAAAATTCAGCTAA GAACCTCAGTCTGGAGGCTGAATGTATAGCTGTGTGACAGACAGCAGCTAG CCATACCAGAGTATACACTTGCCCTTTGCTGAAAGAGTAGATCTTAATGTGT

TWLSVLFCKIANFSH LWLKWR FPALVPWFLGSLVSVIVTLLFFW GNHTIYQAFLLRRKFTGNITFKENR RLEIDYFMPKLVVMTSIPCSLFLVS ILLISSLRRLSLRMQHNTSLQDP NVQAHSLRLKSLISFLVLYAVSFVS MIIDATVFISSDNVWYWZPQIILYF CMSVHPFILIITNNLRFRTFRQLL LARGFWVA	CCTTGTACACATAPAGTAATTGAAAAA ACTCTCTGAGATGACAGAT ACGTTAAATGGTTTTACTTTTCAACCTG CAGTAGGGGTCCCTTTAAT GTTTGTGCTAGTAGATGGGGGACTCTCAAGTATCTTTGGGTAGACAAATC TAAGGTGGCTTCATGAATACCAACCCAGACTTTTGTGACTTTGTGATCCC CCCTTTTGAAGTGGATAAGAGCTGTGACTTGAGTCTAATCAAAGGAGTCC AACGTGTTGTTTATTCTGTAACAGTGTCTTTGTCTTCTAGTTAATAACACA GGCAAAGAAGGCTAGGGTGACATTCTAGGATTGTGTTATTCTATCTTGG TCATGCCTCCCTGTGCTGGTCTAATGAAATAAGTCAGTGGCCATATTTAAA TATGACTACGTGGCAAATACTGATGATAGCCTGTGTGTTCCAAACAAATATC CAGTAGGAGACCTAGGCATTAGTCTCTGAGCCACAAGGAAATAGGTTCTT TCACTGGAAAAAGAGCAGTTTAGATGGTTATAAATTACTTAATCCATAGAA GCCATAGGGGCTTTATGTAGAGATTGGGTAGAGAGGTAGACCTAGATATT GACTTAGGAGTGGCTATTCTGAGTGGGGGTAGATATATGGCAGGGAACT CAGATAAGAAAGACTTCTTTAGTGTACGATTCTTCTAGGTATCTCCTTG TGCCAGATATCTATGCGTCTATGTACCTACCTACCTACCTACCTACCTACC TACCTACCTACCTACTGACACCTAATAGGAAGAGGCAAGTGGTCACAACCT GCAATGATGGGATAAGAAATGATGGAATCAGTTACCAAGATTAAAAATACCT TCCCCACTGATGTTATTGCAAGCATGGCAGCATGTAGGCAAAATCAGAGAA GGCAAATCATGAGCAGCTGCTGCCCATGGTACCCGAGCCCGGGAAATATT TGCATCATATCTGAGCCAAAAGCACACCTTTTATCTACTGCTGAGCATTT TTCACATTGAAGTTCTGGCTCACATGCAGAATCCAACCTTTATCTCCTGT CTCCAGAAGGGAGTGTCAAGGACTGTGGGTAGGGGAGGGAGGAGGCCAGG AACCAAGGCAATCAGTGGTGACAGGAGGAGGACTGAAATGCTACCAACAT TATCAGTTTTCTCATGTTGACCTTTGTTCTGCTCTGTTCTTCTGGGATCC TGGCCAACGGCTTCATTGTGCTGATGCTGAGCAGGGAATGGCTACTGCTG GTAGGCTGCTCCCTCGGACATGATCCTCTTCACTTTGGGCACCTCCCGAT TCTTCAGCAGTGTGTGGGATTGGTCAACAGTTTCTATTACTTCTCTCCATC TGGTTGAGTACTCCGGGAGCTTGGCCGGCAGCTCATAGTCTTCACTGGG ACTTCTTGAACCTCAGCCACTTTCTGGTTTGTACCTGGCTCAGCGTCTCTGT TCTGTATCAAGATTGCAACCTTCTCCCATCTGCTGCTTCTGTGGTGAAGT GGAGATTCCCGAGGTTGGTGGCTGGTTCTTGTGGGCTCTATCTTGGTGT CCGTCATTGTAACTCTGCTGTTCTTTGGGGAACCAACATATATATCAGG CATTCTTAAGGAGAAAGTTTACTGGGAACACAACCTTTAAGGAGTGAACA GAAGGCTGGAAATAGACTATTTTATGCTCTGAAAGTTGTCAACATGTCAA TTCCTTGTCTCTTTTCTGGTCTCAATTTTGTGTTGATCAGTTCTCTCA GAAGGCATTGGCTAAGAAATGCAAGCACAAATACCCACAGCTTGCAAGACCCCA ACGTCCAGGCTCACAGCAGAGCCCTGAAGTCACTCATCTCATCTCTGCTTC TTTATGGGCTGCTCTTTGTGTCATGATCATTGATGCTACAGTCTTCTCAT CCTCAGATAATGTGTGTTATGGCCCTGGCAAAATATACCTTACTTTTGA TGTCTGTACATCCATTTATCCTCATCACCATAATCTCAGGTTCCCGGGCA CCTTCAGGCAGCTACTCCTGTTGGCCAGGGGATTCTGGGTGGCTAGGAAGG CTGCTCTCTTTATCTAGAGCCTTTGAAGAGACTCAGGTGAGGGTAACCTTC ACTTGGAAAGTGAGCTCATCTACGTGGAAATGTCTTTGTAGGCAGGCATGGG GTCATACTGTGAGGTTCTCATTGGGAAAGAGGAGAGAAATACAGAGTG TCCCTCCTTACCTTAGGATATTATGAAAGTGGAAATCCGAATCCTGGACC AGTATTGATCTAAGTGCAAAGTACAATATGTCTGTTCTTTTCTATGTCTGT TTTCTTTTGTACTGATTCACTCTCTAGGGAATAGTCTTGATCAACTGAA TCATCTCATCTGGCTGGCCACTGGGGAGGTAAAAGAACTTTGTGTCACTGC TGCATTGGGATATACATGGGTGGGAAGCAAGTGTCTGTAGGCAGAGTAGC ACTCAGTATGAGAACCTCAAAGAGCAGGTGGCTGTGCATGCAGGGGCTGGG GCAAGGAGTCTGATCACTCTTCACTGTATGGGATTATTTGTCTCTTGGC AAAATTTGGAGACTTTGGCTTTAGTTTTGTGAAGATGACTGGAAAAATCT TAATGCTACCTGTATCATTTCTCAATAATATTTCTTTTCTGCTTTTA ATTTTCTCCTATCTGCAGCGCCCTTGGTTGTTATCCGTAAATAAATAAAT AAATAAATAAATAAGCCCAATCCTCATTTTCTGTCTTTGGGAACCCCTTT ACTTCCCCAGGTATACGCTACAAAGCCACTTCTGCATTGAATAACATTAT CTTTCATTGAGAAAAAGACTTAAGAATCTACCTTTACAAAAAAGAAAGCA AAGAAATCTCACTTATTTTATATTCAAATCCATTTTAAAAAGAAAGCA CAGCATTAAATTTTCTAAATACTGTTTATAAAAAAATCTGCTTAAGAAATG GATGTTTGAAGACAGAACAAAGAGCTCTTGGAAAGTCCATGGCAGCTCAT GGTCTTGGCTCAGTAGAGCTGTCTGAATCCTGTAACCTCTTATGCCCTT TTGTAGCTTTTCTGCAGATC
---	---

>mGR27 aa	>mGR27 nt GAATTCGCCCTTGGCGGGATCCGGGAACGGATTTCATAGCACTGGTAAACTTC ATGGGCTGGATGAAGAATAGGAAGATTGCCCTCATTGATTTAATCCTCACA AGTCTGGCCATATCCAGAATTTGTCTATTGTGGGTAACTATTAGATTGT TTTATATTGGTGTATATCCAGATGTCTATGCCACTGGTAAAGAAATGAGA ATCATTGACTTCTTCTGGACACTAACCAATCACTTAAGTATCTGGTTTGC ACCTGCCCTCAGCATTTACTATTTCTTCAAGATAGGTAATTTCTTCCACCA CTTTTCTATGCCCTCAAGTCTAGACGCCAAGGGC
>mGR28 aa GREWLRVGRLLPLDMILISLGASRF CLQLVGTIVHNFYYSQAQVEYSGLG RQFFHLHWHFLNSATFWFCSWLSVL FCVKIAN	>mGR28 nt GAATTCGCCCTTGGCGGGATCCGGGAACGGGTTTATTGTCTGGTGTGGGC AGGGAGTGGCTGGATATGGCAGGTTGCTGCCCTTGGATATGATCCTCATT AGCTTGGGTGCCCTCCCGCTTCTGCCCTGCAGTTGGTTGGGACGGTGCACAA TTCTACTACTCTGCCAGAAAGGTGAGTACTCTGGGGTCTCGGCCGACAG TTCTTCCATCTACACTGGCACTTCTCTGAACCTCAGCCACCTTCTGGTTTGC AGCTGGCTCAGTGTCTGTCTGTGTGAAGATTGCTAACATCACACACTCC ACCTTCTGTCTCTCAAGTCTAGACGCCAAGGGC
>mGR29 aa MDGIVQNMTTFIVIVEIIIGWIGNG FIALVNCIHWYKRRKISALNQILTA LAFSRIYLLLTFTVIAVSTLYTHV LVTRRVVKLINFHLLFSNHFMSWLA ACLGIVYFLKIAHFPNSIFVYLKMR INQVSGTLLMSLGLFLNLTLLINS YIDTKIDDYREHLLYQFTSNNTASF YRVILVINNCIFTSIPFTLSQSTFL LLIFSLWRPHYKKMQQAQRCDVLA DPIIRVLOTMTVYVLLCAIFFLSLS MQILRSELLKNILYVRFCEIVAASF PSGHSVCVLICROTNLSTFLSVLSW LKQRTSWIPNINCRSSCIF	>mGR29 nt AGCTTGATATTTCTATTTGTTACTGCACAGAGTTTTTTTTAAAAATTGAG TTTGTATGTGGATTCAATACTCAGATAGAGCTCTTAAATTTTTTACAGT GACCTCATGAATCATACTTGCCTTACAGACAATGGATGGAATCGTACAGA ACATGTTTACATTCATTGTAATTGTGGAAATAATAATAGGATCGATTGGAA ATGGATTATAGCTCTGGTGAACCTGCATACACTGGTACAAGAGAAGAAAGA TCTCTGCAGTGAATCAATACTCAGACGCTTGGCTTTCTCCAGAATCTACC TTCTTTTAAACAGTATTCACTGTATAGCAGTGTCTAGCTATACACACAG TGTTGGTAACTAGAAGAGTGGTAAACTGATTAAATTTCCATTGCTTTTCA GCAATCAATTTAGCATGTGGCTTGTCTGCATGCCCTTGGCTTATATTATTTT TTAAAAATAGCTCAATTTTCTTAACTCTATTTTGTCTTAAAGATGAGAA TTAAACAGGTGGTTTCCAGGACTTTGCTCATGTCTTTGGGCTCTTGTTC TAAACACTCTGCTGATAAACTCATACATTGATACCAAGATAGATGACTACA GAGAACATCTACTGTATGATTCACTTCGAATAATCTGCTTCATTTTACA GGGTTATTTAGTCACTAACAACTGTATTTTACATCTATACCTTTTACAC TTTCCAGTCCACTTTTCTCTGCTCATCTTCTCCCTGTGGAGACATTACA AGAAGATGCAACAGCATGCACAAAGATGCAGAGATGTCTTGCAGATGCC ACATCAGAGTCTTGCAAACCATGGTCACCTATGTCTACTCTGTGCCATT TCTTTCTGTCTCTTTCCATGCAAAATTTGAGGAGTGAAGTTGTGAGAACA TTCTTTACGTTAGGTTCTGCCAGATTGTTGCAGCACTTTTTCTTCCAGGAC ACTCTGTGTCTTAACTCTGTAGAGACACAAACCTGAGAGGGACCTTTCTTT CTGTCTATCGTGGCTGAAGCAGAGGTTTACATCATGGATTCTTAACATAA ATTGCAGATCATCTTGCATATTCTAAAAGAACTGAG
>mGR30 aa MTYETDITLMLVAVGERLVGILGNA FIALVNFMGWMKQNKIASIDLILSS VAMSRICLQCIILLOCIILVQYPDT YNRGKEMRTVDFWTLTNHLSVWFA TCLSIYFLFKIANFFHPLFLWIKWR IDKILRLTLLACVILSLCFLPVTE NLSDOFFRRCKVKTERINSTLRCKVN KAGHASVKVNLNLVMLFPFSVSLVS FLLILSLWRHTRQIQLSVTYKDP STTAHVKAMKAVISFLALFVYCLA FLIATSSYFMPESLAVIWGELIAL IYPSSHSFILILGSSHLKQASVRVL CRVKTMLKGKKY	>mGR30 nt AAAAATGTTTCATTGTTTATCTAAAATTCAAATTTAACTGAGTGGCCTACAT TTTTATTTATTCATCTAGTAGCTGTACTGAGGTTATTAGTGTGATTTCTG AAGCCCAAATTTGTAAACTTAGCCTCAGATAAACAGCTTGAGACCATGGA AAGTAATTTGGTAAAATTGCACTCTAGCAATAGTAGCTCAGCCTAAATTA ACTGTGTGTAGAAAAGAAAGACCTGCGGAGAGATAAATGGACATACATA TCCAGGCTAAGGATTGCCAAACACACTGTTTTTAAGACTAATTGAGATTTA GATAAACTATCTACAGTCTTCATGTATAATTCTCATCTTCATCAGAGACA GACTTCAACTTAAGGAGGTAAGACAAAGGACAGCGAACCTTAAACAGCCAA GTGTAGAAACCAAACTGCATCAAACTCAGCCAGAACTAATTGGATACTTCT CTACTTTAAATGACATACGAAACAGATACTACCTTAATGCTTGTAGCTGT TGGTGAAGGCTTAGTAGGGATTTAGGAAATGCATTCACTGCACTGGTAAA CTTCATGGGCTGGATGAAGAAATAGGAAGATTGCCCTCTATTGATTTAATCT CTCAAGTGTGGCCATGTCCAGAATTTGTCTACAGTGTATAATCCTATTAGA TTGTATTATATTGGTGCAGTATCCAGACACTTACCAACCACTTAAGTGTCTGGT GAGGACCGTTGACTTCTTCTGGACACTTACCAACCACTTAAGTGTCTGGT TGCCACCTGCCCTCAGCATTTTCTATTATTCAAGATAGCAAACTTCTTCCA CCCTCTTTTCTCTGGATAAAGTGGAGAATTCACAAGCTAATTCTCAGAAAC TCTACTGCCATGTGTGATTATCTCCCTGTGTTTTAGCCTCCAGTCACTGA AAATCTGAGTGATGATTTAGACGTTGTGTATAAGACAAAGGAGAGATAA CTTACTTTGAGATGCAAAAGTAAATAAAGCTGGACATGCCCTCTGTCAAGGT AAATCTCAACTTGGTCACTGCTGTCTCCCTTTCTGTGTCTGCTGCTGCT TCTCTCTTGTATCTCTCCCTGTGGAGACACACAGCCAGATACAACTCAG TGTAACAGGCTACAAAGATCCAGCACAACAGCTCATGTGAAGCCATGAA

	AGCAGTAATTTCCCTTCCCTGGCCCTGTTTCTCTACTGCCCTAGCCCTTCT CATAGCCACCTCCAGCTACTTATGCCACAGTCAATTAGCTGTAAATAG GGGTGAGCTGATAGCTCTAATCTATCCCTCAAGCCATTCATTATCTCTCAT CCTGGGGAGTAGTAACATAAAACAAGCATCTGTGAGGGTGGCTTTGTAGAGT AAACACCATTGTTAAAGGAAAAAAATATTAGCATCATGAGCATATCTGAAG AAAACTATCACTTTCTAAGAGAAAGGAAGACAGGATCATATCCGTCCTT TTCACATGAATATTGATTTTCATGCAGTGACATCCTCTAACAACCTTAAAT TGAACCTTTGAGAAATCTCATATACAGCAACTTTGCATGTCTATCTCTGC TTTTCTCTCCTTTTCAATATGAGTTGACATAAAAAATAATTTTCAGAACA AATTATAACAGAAGAAAGGCAATTTTCATAATCAGTTCTGAATCACTCCTC CAAATGCAAAGCTGCCGTGACAAATTCAAAACAATTGTAACAGCATCTCACT GTCCTTTGCATTCTTTGGAAAAGCAGGTGGTTTGTCTTGGAGCCTGGCT AGAGTTTCTCTCTAGACCATGAAATATGTTGATGATTGGAGAAAGAGTCA AGTACCAAGTAACAATTTTATTGTGAAGATGGGTGTTTCATCATGTGATT TGGCTGGCCTGGAACTTGTATGTAGACTAGTCTGTGATCAAAACACACAAA GATCTGCCCTGCCCTCACCTGCCAGTTCTAGGATTCAAGGAATGCACCACCAC AGCTTGTTCAGAGTGACAATTTCTTACAAATGTTTGTAGAAATAAATAATATAC TAGAAATTAACACTGAATGTAAAGTCTGTTTAGGTATAAATTATGATTAA TGTATAGTTAGAAAATTTAATTAAGATTATAGATCAGTGATGAAAATATTC TAGAATAAGTTTATGAAGAACTTTTATAAGAAAGTGGAAAAAATCTC TTGATTGCAATTTGAAACAAATTTCTCCAAAAAGAACCTACAAATTTGCG TCTAGACATCTAGACTGTATCAACAGTGAATATGAAAATATCATACAGG ATATAGCCTTTAGTATTGAAGACAGGTTTCATCTATATTAAGCTTGATACA TACCTAAAAGACTAAGTCAATATCCACACAAACATATTGCACTATCATGTC TATTGAACACTATTATAGTAGCTAAATATGGCACAACCTAGACATTCT ATCAATAGATGAATCAATAAAGCAATGTACATACACAAGATGAAATGTAT TTCAGGCATAAAGAAGATGCAGTCATGTCATTAGCAAAAACATAAACAGA ATTGGAGGTGATTGTGATAATTGAAATAAACACAGACCTGGAAAAACAAAA CCTGTGTAATTTTCTGAAGTAGAATATCTCTTGGATGGATAGATGGG TACTGTTATAGTATAAAATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT TTCATGAAAGCAAGATGGGACTGCTTAGAGAAAGAAAGGACAAACAGGT GAAGGGGTGAAGAAAAAGGCAATGACAAAGGAGTAATGATATGAGCAAAAT ACCATTATTAAACATGTGACAAATATTATATAGAAACACATGATTTTGTGTG CCTACCAAACTGGATAATAATTTTAAATGTATCTATTAAAGGAAAGA AAAGAAAGTGCAAGCCAGGAAAGGGAGAAAGGAAACAATGAGAGAGAAA TGGAAATGGTGAGAGTGAAGAGAACAAAAAGAAATGGAGTAAGTGTGGC CAGGAATGAAGGATCTCAGCTATAGTTATCCCAAGTACGGTAATACAAATCT GTGACTCCAGCACTTGACAAGGCTGAGAGATGTGAGAGAGGGCCAGTTAAC AACCAGTCTGGGCTTATTCGAAGAGATGAAGAGATTGGGGGAAAGTATGTA GAAGGGTTTGGAGGGAAGAGAGAGAGAGGGGAAATGATGTAATGATAGTAC AAATCAAAAGTTATTTTCTAAAAAGCAATGGGACAGGAAACCAACCTA ACAAAGTAAGGTGCTTGGTTCACAAGACCAGCAACCTGAGTGATCTCTTGC TAGAATGAAATTTGGCTTACTCTGGAAGCTTACTTCTCAGTGTATTTCAT TGTTAAATTCATGTGGAGATTTTAAAGAAAAAGGAAAAAAAGTTAA TGGTAGATTTGTGTAGGGGAATATCCCTAATTAATTGATTAGATAATAA AGATGACAAGCAAATTTGCTGTGCAAAAAGGAAGACAAGGTCTAAGAGGGGA AGAGGGGACACGGGAGGAAAAAAACGGCCCTTTTAAAGCAAGGTGGGGA GTGAGGGAAGCGAGATGTAGACAGGGAAGTGTAGACCTGGTGGCAGCTTC TGCCACCTGAAGATTTTCAACATAGTATAGTTCATGAGTTTAGGAAGATAT GTTCCCTGCCAGCGGTGTATCATCTGTTGATTTAACTAAGATTGTCT GGTGTTCCTATTGCGGAGACTCAAGTAGACCAAGGGGAAAGAAATGAATT C
>mGR31 aa MYMILVRAVFIITGMLGNMFIGLANC SOWVKNQKITFINFIMVCLAASRIS SVLMLFIDATIQELAPHFYYSYRLV KCSDFWVITDQLSTWLATCLISFY LFKVAHISHPLFLWLKWLRLRGVLVV FLVPSLFLLLISYFLLLETLPWGD YVTLKNNLTLSFGTIKTTAFQKIIV FDIYLVFPFLVSLASLLLLFLSLVK HSRSLDLISTSEDSRTKIHKKAMK	>mGR31 nt CTGCAGCTTTCTAGAAATCTCACCAGAATGTCTTTGTGCAGCTTTAATAGT TCCTGGTTATACCTTGTCAATTATAAGCTAAGACATCTTTGGTGCCACAA TATACTCTCAATCAGAGAGATTAGACAGAAAAATAAGTTTCTTAACAA CTGTTTATAGATAGGGTCATGAAATGACATAAAACACCAATGCTAAGGCAAT CCATTATGTTTCTCATGAGGAGCCCATATGTACACTTGAGTGTGCTTTAT TATTTCCCTGAGTGATTTTGTAAATTTATTAAACACTTAAGTGTGATTCAT ACTAGTTAGTTCTGAAATTTCTTTCTTCATCAAGCCATTAATCCTGGGGT TTTTAAATGGAGAACCCCAAAACAAAGTGAAATGTTGTGTGTGGAGCAGG CTGTCTCCACACACTACCATGAGATGCTCATTCTGTAATTTGTTCCCGG AATAGGAAATGCCCTGAATTCAGGCACACAAGAGCTAGTCTGTGCACCATG

MLVSLILFIIHFFARWLLFL
 FPMSPINFIILTNIIFALHSHFIL
 LGNSNLRQRAMRILQHLKSLQELI
 LSLHRFSSLY

TCTGTTCTTGCATTAAATACCCACTTTACGAGGCTTCATTGATTGGG
 ATCTTCAGAGCTGGTATCATTATTAGTTTCTTCTCAGGTGACTGTGGG
 CCAAAATATTAGGGCCCTTTAAAAAGTAAAACTACAAAATTTCTTTAT
 AATTTCTTTAAGTTTGTATAATATAGCATGACCTACACACACACACACA
 CACACACACACACACACACACACAAAGTATGCCCTCTCTTTCTTTCTAAA
 AATCTCACTTAAAGCAATTGTTTAGCTGTCTTCGAAGTCTAGACTGCCACT
 GTCGTGCTTCTAGCCAAAACAAATGCAACACATAAAATGATAGAGCTCAAA
 ACTTAGGAATCTATTAACTGTGAAGATCAGGCAAGCAAACTGAGAAACC
 TCTAGAAGGAAACCACAGCAATCACTGGAGAGAAGGTGTTAATCTAGTAA
 GAATAGTTTTTATTTGGGTATCCTTTTGTAGATTGGTTAGTTTCATCCAAA
 ATCCAACCTGTTAGTTCTTCATAAATTGTAAGTGTCTCCAACATCAAGCA
 CCAGTTCTCTCTTTCCCTGTATGAAGATGCTTAAAGTACAGAGTTACTC
 TTTTCTGTACTGACAGTAATTTAAAAAATTTGTTCACTCATTCTTTTTTG
 GTGTTGTTATTTCTGTGTTCTCAATGTTATCTTTTTTTTCAAACTTTTC
 TTTTATAAAAGTCATACACATAGCAATGCAAGTGCATGTTTATGGAATCC
 ATAACCTAATTTATGAGACTTCTCTAGTACTTTCTTTGAACAGTAACAAA
 GATATCTGCTTCTACAGAGTGCAGTGTTCAGGTGAGGAGGACATATTAT
 ACAAACTCAGTGAAAAAATCTGATTCAAATTTGTAATTTAATATATTG
 ACTTATCACTTCAGATATTACATCAATGGGAATTTTGAAGGCACACAAGT
 GATGATGTGGGCATAGAGACTGTCTGTACTAGAATTTAATATTTCTTTTAA
 ATATCTTTAAATAAAAAATATGATGCTGTATTTCATAAACAGATCTTTATAGA
 TTAAGTATGAGATTAAAGTTGGAAAAACAAAAGACAAAAACCTAGGACTAA
 GAAATTTCTTAAATATGTGTGAATATCAACCTAATGGAGGAAGTTTCCAAT
 CAAAGCTGAAATTACAGTAAAAAGGAGGAAGATAAATATGGAAAAGGATGA
 TTTTCTGTGGAAGTTTGTGGAAGCTGATCCAGGAGCAAAATGCTAGAA
 GTGTGGATTCCCTTTTACTATTCAACTGCTTATAGGACTGGATCAAATGTA
 TATGATCTGGTAAGAGCAGTATTTATAACTGGAATGCTGGGAAATATGTT
 CATTGGACTGGCAAACTGCTCTGACTGGGTCAAGAACGAGAAAACTCACCTT
 CATCAACTTCATCATGGTCTGTTTGGCAGCTTCCAGAATCAGCTCTGTGCT
 GATGTTATTTATGATGCAACCATACAGAACTAGCGCCTCAATTTCTATTAT
 TTCTTACCGCTCTAGTAAATGCTCTGATATATTCTGGGTTAATCTGATCA
 ACTATCAACATGGCTTGGCAGCTGCTGAGCATATTCTACTAATTCAAAGT
 AGCCCACTTTCCCATCCCTTTTCTCTGGTTGAAGTGGAGATTGAGAGG
 TGTGCTTGTGTTTTCTGATTTTCTTGTCTTATGATTTCTTATTT
 TCTACTGCTTGAACACTTCTTATTTGGGAGATATTATGTAACCTTTAA
 AAACAATCTGACCTTATTTTCAAGTACAAATTAAGACCACTGCTTTCAAAA
 GATAATTGTTTTGATATAATATATTAGTCCCATTTCTTGTGCTCCCTAGC
 ATCATTTGCTCTTTATTTTGTCTTGGTGAACACTCCCGAAGCCTTGA
 CTTGATTTCTACCACTTCTGAAGATTCCAGAACCAGATTCAAGAAGGC
 CATGAAATGCTGGTGTCTTTCTCTCTCTTTTATAATTCACATTTTCTT
 CATGCACTTAGCAGGCTGGTTATTATTTTGTCTTCAATGAGCAGGCCAAT
 TAAATTCATCTTAACATTAATATCTTTGCTTAACTCAGTCAATTTATCT
 CATCTGGGAAATAGCAATCTTCCACAGAGAGCAATGAGCATCTGCAACA
 TCTTAAAGCCAGCTTCAAGAGCTGATCTCTCTCTCTCATAGATTCTCCAG
 TCTTTACTAGAGGAACAGCTTAACAGGGAGACTTGGAGGTCACTGGCAAA
 TTATTTCTTTGATTTCTTTTAAAGTACTGCTGAACATATATGAAGTGTCC
 CCAGAGCATAGTGTCTATCTTATGAGAAGGATATCATCTCACAGTCTGGTTA
 TAAACACAAACCAATCTTTTATAATTTCTTTACAGCATTGCTAATAAAA
 GACTTGTAGTCTCAAAATTTTAAAGAGAATAATTAATTTATAGGCAAAA
 GGTATGAAATTACAATTCACAGGGAAGGTTCAAGACTCTTTAGATATTAAA
 GTTAATTGTAAGCCACAATAGGCAGAAGATGAGCAAAATGTTGATAGGAGA
 TAAATAAAATCTAAAGTTACGGAGAAAAAACAATCAACTTGCCCTTTTAGA
 TTACTTTAAAGCTCTCTCTCTGCTCTCTCTCTCTGATCTACTTACTTTA
 TATATACAAATGTTTGTCTGCATGTATTTCTTTGACCATATAAATGTCT
 AAGTATCCAGAAAGTCAGCAGAGGGCATCAAATCTCTGGAAAGAGAGTTA
 CAAATTTGCTGTGGGTAACTGGGTGCTGGGAACTAACCTGAGTCTCTGCTG
 CACAGCAACTGCTCTTCCCTGCTGAGTCATGTTTAAAGTCTCCCAACTTA
 AACTCATTGTTGATGTGCTCATTGCATAATGATGAATTTACATTTCAAGGT
 TTGTATCATAGGTAGGAGGGCTGTTTTAATCATATTCTAATGTTCTTATA
 CAAACCCAGGTTTTGTAAGAGACTGTATTCTATCATGAGACTCTTTCCCA
 CACCCCAATGTAACATTTTATTAATTTTGAAGGGAATTTTATACAGTGT
 ACCCTGATCACCTTGCTTCCCACTCTTGCAGGTCTACCCTCCCACTT
 GCTCAATCCCTCTAAAAGAGAGAGAAACCAACATGTCCAATTTGTGTTG

	GACACATACCTCAGTGGAGCATGGGCAA TAGTGAGCGATTCTTTAA GAAACTAAGCTGCGCTCCACCACTAGCAATATAGGGCATTTAACTGTGA GAGCTACACTTAGCTATTATTACCCATTTAAAGACTGTCTCAATAG CTCCCTCATGGACTGTTCTGGTTTTAGTGGGACAGGGAGAGGGGTCAA GAGTTGTACAGAAACTTTTGAATGCTCTTATTCTCAGTTAAAGTCCACT GGAAAAGAAATCTGCTGGCTCTAATAAGCTTGCAACAGCATGGGCCAGTG ACATCATCATGATTTCTGGCAAGATNTGACCCCAATATCATGGCTCAG GTGGCATACGGACCCACAGACATCAACATGGTCTCTGGCAGCAAGAACCG AATCTTTTGGAGGGCTTCATTCAGAAATGAATTTTCTCATCCAGAT ATACTGATGTTGCTCAATCAGAGTATTAGTATGGTTGGGCCCATATTGG GGACAGGACCTTCAATATTTCCAGGCTGCTGTGTACACATTTATCTTAGT GTCAGGTGGCTTAGTGTACAGGATGACCATCATGTATGCGCTGTGGGC AGAAATACATCTTGTACTTTCTTACACCTAGCAGGGTGAATAGCAGGACC ACGGGCATTAATACTTCCATACCTCTGGGAGCCTATCAGGTATCATCTAG GCAAGGTAGCCCAAGTATGGCCCAAGGGTCTCTGGTGTCTACTTGGCAACA ACATGCTCCTTTGCTCCACAGCATATCTATGGCTGGTTCTCCATCCCTA GTTCTGCTTCTCTCAGGTTTATACGACTATTTCCACATTTCTATTTTCC AGTTCCATGAACCAAGTGTATAAAGTATCATCCCATAGACCGGCCTTT AAAGGTTATCTCGAGATATTGCGAGTCTGCG
--	--