



УКРАЇНА

(19) **UA** (11) **126567** (13) **C2**
(51) МПК (2022.01)
C07K 14/005 (2006.01)
A61K 39/00
C12N 15/86 (2006.01)

НАЦІОНАЛЬНИЙ ОРГАН
ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ
ВЛАСНОСТІ
ДЕРЖАВНЕ ПІДПРИЄМСТВО
"УКРАЇНСЬКИЙ ІНСТИТУТ
ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ
ВЛАСНОСТІ"

(12) ОПИС ДО ПАТЕНТУ НА ВІНАХІД

(21) Номер заявки: а 2019 04236	(72) Винахідник(и): Рюменапф Ганс Тільманн (АТ), Лемп Бенджамін (АТ), Шварц Лукас (АТ)
(22) Дата подання заявки: 22.12.2017	(73) Володілець (володільці): ВЕТЕРІНЕРМЕДИЦИНІШЕ УНІВЕРСИТЕТ ВІЕН, Veterinärplatz 1, 1210 Vienna, Austria (АТ)
(24) Дата, з якої є чинними права інтелектуальної власності: 03.11.2022	(74) Представник: Кістерський Тимофій Арсенійович, реєстр. №457
(31) Номер попередньої заявки відповідно до Парижської конвенції: 62/437,888	(56) Перелік документів, взятих до уваги експертизою: WO 2007/121522 A1, 01.11.2007
(32) Дата подання попередньої заявки відповідно до Парижської конвенції: 22.12.2016	
(33) Код держави-учасниці Парижської конвенції, до якої подано попередню заявку: US	
(41) Публікація відомостей про заявку: 25.09.2019, Бюл.№ 18	
(46) Публікація відомостей про державну реєстрацію: 02.11.2022, Бюл.№ 44	
(86) Номер та дата подання міжнародної заявки, поданої відповідно до Договору РСТ PCT/EP2017/084453, 22.12.2017	

(54) ВИДІЛЕННЯ НОВОГО ПЕСТИВІРУСУ, ЩО ВИКЛИКАЄ ВРОДЖЕНИЙ ТРЕМОР А

(57) Реферат:

Даний винахід стосується нового пестивірусу, корисного в галузі ветеринарної вірусології та вакцин. Зокрема, він стосується виділеного полінуклеотиду, що походить з пестивірусу, і пестивірусу, до відповідних вакцин і медичного застосування, до химерного вірусу, що містить такий полінуклеотид, і до векторів експресії для гетерологічної експресії поліпептидів.

UA 126567 C2

ОБЛАСТЬ ТЕХНІКИ

Даний винахід відноситься до нового пестивірусу, корисного в області ветеринарної вірусології та вакцин. Зокрема, він відноситься до виділеного полінуклеотиду, що походить з пестивірусу, до відповідних вакцин й їх медичного застосування, до химерного вірусу, що містить відповідний полінуклеотид, і до застосування зазначеного вірусу як вірусного вектора для експресії гетерологічних поліпептидів.

РІВЕНЬ ТЕХНІКИ

Пестивіруси являють собою одноланцюжкові РНК-віруси, що містять смисловий ланцюг. Геном пестивірусу має довжину від 11,5 до 12,5 т.п.н. і містить одну велику відкриту рамку зчитування, яка фланкована нетрансльованими областями (NTR) на 5'- і 3'-кінцях генома. Отриманий великий поліпротеїн ко- і пост-трансляційно процесується у 12 зрілих вірусних білків: автопротеазу (Npro), капсидний білок (C), три оболонкових білки (Erns, E1, E2) і неструктурні білки (p7, NS2, NS3, NS4A, NS4B, NS5A, NS5B), які є консервативними серед пестивірусів відносно локалізації в геномі та каталітичних залишків.

Рід Pestivirus відноситься до сімейства Flaviviridae та складається з чотирьох видів, згідно з класифікацією Міжнародного комітету з таксономії вірусів. Класифікація пестивірусів заснована на нуклеотидній послідовності, діапазоні хазяїнів і серологічних відмінностях. 5'NTR є областю, найбільше часто використовуваною для філогенетичного аналізу пестивірусів, але також були використані більше варіабельні гени (Npro або E2). Проте, порівняння повних геномних послідовностей дає можливість найбільше точного філогенетичного типування. Крім вірусу вірусної діареї великої рогатої худоби-1 (BVDV-1) і вірусу BVDV-2, вірусу примежевої хвороби (BDV) і вірусу класичної чуми свиней (CSFV), декілька некласифікованих штамів і/або передбачуваних видів представлені так званими атипovими штамми пестивірусів. Атипові пестивіруси були виділені з екзотичних видів загону Artiodactyla, особливо з бичачих, вівцевих і свинячих хазяїнів. Недавні дослідження виявили пестивірусні послідовності у пацюків і кажанів, що передбачає більше широкий спектр хазяїнів пестивірусів. Однак до сих пір усі виділені пестивіруси походили від копитних.

Одна з самих небезпечних вірусних епідемій в свиней, CSFV, була викорінена серед одомашненої популяції свиней у більшості розвинених країн ще декілька десятиліть тому. Виявлені свині, інфіковані іншими видами пестивірусів, наприклад, виявлені певні штами BDV і BVDV, що вказує на здатність до адаптації. "Нетиповий" свинячий пестивірус був виявлений в 2003 році на комерційній фермі з розведення свиней в Австралії, пізніше названий вірусом Bungowannah. Цей добре вивчений вірус викликав репродуктивні порушення, мертвонародження та раптову смерть у поросят через міокардит. Значна різноманітність послідовностей цього вірусу призвела до того, що його виявлення не вдалося виконати за допомогою загальноновизнаних методів діагностики пестивірусу (ІФА, тести перехресної нейтралізації, ЗТ-ПЛР). Документована патогенність вірусу Bungowannah стривожила свинарську галузь через потенційний економічний вплив. Тільки дві з постраждалих ферм в Австралії повідомили про загибель близько 50 000 тварин. Вірус Bungowannah як і раніше присутній на одній фермі, але цей вірус або споріднені йому ніколи не були виявлені в інших місцях.

Недавно була виявлена нова група близькоспоріднених свинячих пестивірусів, що утворюють передбачуваний вид "атипових свинячих пестивірусів (APPV)". Ці віруси були вперше виявлені у Північній Америці, а потім також виявлені в Німеччині, Нідерландах й Австрії (Schwarz et al., 2017. Congenital infection with atypical porcine pestivirus (APPV) is associated with disease and viral persistence. Veterinary Research 48:1). Існують переконливі докази того, що APPV представляють інфекційні агенти, що лежать в основі синдрому вродженого тремору (BT) типу A-II у поросят. BT A-II широко розповсюджений в усьому світі та часто зустрічається у новонароджених поросят. APPV дуже важко розмножувати in vitro, і тому постулати Коха були виконані тільки частково. Проте передача збудника від уражених поросят вагітним свиноматкам призводила до відтворення клінічних ознак. Клінічні ознаки характеризуються генералізованим легким або сильним тремором усього тіла, що патогістологічно асоційовано з варіабельною гіпомієлінізацією головного та спинного мозку. Гіпомієлінізація являє собою характерні ураження головного мозку овець, великої рогатої худоби та свиней після пізнього періоду вагітності при внутрішньоутробній інфекції BDV, BVDV і CSFV, що призводить до появи новонароджених ягнят з надлишковим волоссяним покривом і тремором, тремтячих телят і поросят, уражених BT A-I. Зараження більшістю, якщо не всіма, пестивірусами під час вагітності, може впливати на ембріон або плід, викликаючи мертвонародження, пороки розвитку або неврологічні дефекти.

Через важливість ефективної та безпечної, а також такої, що піддається відстеженню, профілактики та лікування пестивірусних інфекцій, як і раніше існує гостра та незадоволена потреба в імуногенному пестивірусі з гарною реплікацією вірусу та високим потенціалом для індукції імунітету.

5 КОРОТКИЙ ОПИС ВИНАХОДУ

Завдання даного винаходу досягається за допомогою заявленого об'єкта винаходу.

Новий виділений пестивірус має низьку патогенність для тварин і може призвести до швидкої та надійної сіркоконверсії навіть після природних шляхів зараження. Тому вірус у високому ступені застосовується для цілей вакцинації.

10 Автори даного винаходу назвали новий пестивірус вірусом LINDA.

Згідно з даним винаходом запропонований виділений полінуклеотид, що містить нуклеотидну послідовність SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2 або послідовність, яка щонайменше на 60 %, зокрема, щонайменше на 70 % ідентична зазначеним послідовностям.

Зокрема, зазначений полінуклеотид являє собою інфекційний полінуклеотид.

15 В одному варіанті реалізації винаходу зазначений полінуклеотид є присутнім у клітині, зокрема, у клітині-хазяїні.

Згідно з даним винаходом також запропонований промотор РНК-полімерази, функціонально пов'язаний із зазначеним полінуклеотидом.

20 Згідно з ще одним варіантом реалізації полінуклеотид додатково містить екзогенний гетерологічний полінуклеотид.

Згідно з одним варіантом реалізації полінуклеотид входить до складу вектора.

У додатковому варіанті реалізації запропонований полінуклеотид, який являє собою кДНК з послідовністю SEQ ID NO: 1.

25 У додатковому варіанті реалізації запропонований полінуклеотид, який являє собою кДНК, й який щонайменше на 60 %, щонайменше на 65 %, щонайменше на 70 %, щонайменше на 80 %, щонайменше на 85 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 95 %, щонайменше на 99 %, щонайменше на 99,5 % ідентичний послідовності SEQ ID NO: 1.

30 У додатковому варіанті реалізації запропонований полінуклеотид, який щонайменше на 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 99 %, 99,5 % ідентичний послідовності SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2.

35 У даній заявці також запропонований полінуклеотид, що містить послідовність, вибрану з групи SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29, або будь-які їх комбінації або послідовність, щонайменше, на 90 %, зокрема, щонайменше на 95 %, ідентична зазначеним послідовностям, або будь-які їх комбінації.

40 Великою перевагою є те, що пестивірус згідно з даним винаходом явно відрізняється від інших вірусів, таких як Bungowappah або APPV. Пестивірус згідно з даним винаходом можна легко розмножувати із застосуванням клітин-хазяїнів, таких як клітини SK-6 або PK-15, до високих титрів, таких як титр $> 10^7$ TCID₅₀, без необхідності адаптації.

45 У рамках даної заявки також запропонована композиція, яка містить свинячий пестивірус, що має нуклеотидну послідовність SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2, або послідовність, яка щонайменше на 60 %, зокрема, щонайменше на 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 99 % ідентична послідовності SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2. Згідно з конкретним варіантом реалізації, зазначені щонайменше 60 %, конкретно щонайменше 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 99 % ідентичності з SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2 визначають за всією довжиною послідовностей.

50 Згідно з даним винаходом також запропонована композиція, яка містить свинячий пестивірус, що містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 3 або послідовність, яка щонайменше на 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 99 %, 99,5 % ідентична SEQ ID NO: 3. Згідно з конкретним варіантом реалізації зазначені щонайменше 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 99 %, 99,5 % ідентичності з SEQ ID NO: 3 визначають за всією довжиною послідовності.

55 Згідно з даним винаходом також запропонована композиція, яка містить свинячий пестивірус, що має амінокислотну послідовність, вибрану з SEQ ID NO: 4 (Npro), SEQ ID NO: 5 (Core), SEQ ID NO: 6 (Erns), SEQ ID NO: 7 (E1), SEQ ID NO: 8 (E2), SEQ ID NO: 9 (P7), SEQ ID NO: 10 (NS2), SEQ ID NO: 11 (NS3), SEQ ID NO: 12 (NS4A), SEQ ID NO: 13 (NS4B), SEQ ID NO: 14 (NS5A), SEQ ID NO: 15 (NS5B), або будь-які їх комбінації.

60 Зокрема, композиція містить 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11 або 12 послідовностей з SEQ ID NO: 4 (Npro), SEQ ID NO: 5 (Core), SEQ ID NO: 6 (Erns), SEQ ID NO: 7 (E1), SEQ ID NO: 8 (E2), SEQ ID

NO: 9 (P7), SEQ ID NO: 10 (NS2), SEQ ID NO: 11 (NS3), SEQ ID NO: 12 (NS4A), SEQ ID NO: 13 (NS4B), SEQ ID NO: 14 (NS5A), SEQ ID NO: 15 (NS5B).

Відповідно до додаткового варіанта реалізації винаходу запропонована композиція, в якій свинячий пестивірус інактивований або ослаблений (атенойований), зокрема, запропонований хімічно інактивований вірус, який інактивують обробкою інактивуючим агентом, вибраним із групи, що складається з бінарного етиленіміну, етиленіміну, ацетилетиленіміну, бета-етиленіміну, бета-проіолактону, глутар-альдегіду, озону та формальдегіду.

Також запропонована композиція, яка містить пестивірус згідно з даним винаходом, в якій пестивірус являє собою фізично інактивований пестивірус, специфічно інактивований обробкою УФ-випромінюванням, рентгенівським випромінюванням, гамма-випромінюванням, заморожуванням-відтаюванням і/або нагріванням.

Згідно з альтернативним варіантом реалізації даного винаходу пестивірус ослаблений шляхом модифікації гена Npro, Erns або N2-3.

Згідно з конкретним варіантом реалізації зазначений пестивірус перебуває у ліофілізованій формі.

Для введення композиція містить титр щонайменше приблизно 10^4 , зокрема, щонайменше 10^5 , 10^6 , 10^7 , 10^8 TCID₅₀ на дозу.

Згідно з наступним варіантом реалізації винаходу також запропонована фармацевтична композиція, яка містить полінуклеотид, композицію, вектор або химерний пестивірус, що описані у даному документі.

Даний винахід також відноситься до вектора на основі свинячого пестивірусу, який містить нуклеотидну послідовність SEQ ID NO: 1 або послідовність, яка щонайменше на 60 %, конкретно щонайменше на 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 99 % ідентична послідовності SEQ ID NO: 1, і послідовність, що кодує гетерологічну послідовність.

Даний винахід також відноситься до вектора на основі свинячого пестивірусу, який містить нуклеотидну послідовність SEQ ID NO: 2 або послідовність, що має щонайменше 60 %, конкретно щонайменше 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 99 % ідентичності з SEQ ID NO: 2, і послідовність, що кодує гетерологічну послідовність. Зазначені гетерологічні послідовності можуть являти собою будь-яку регуляторну послідовність або послідовність, що кодує селективні маркери. Зокрема, гетерологічна послідовність вибрана з одного або декількох вірусів, що складаються з групи вірусу бичачої вірусної діареї-1 (BVDV-1) і BVDV-2, вірусу примежевої хвороби (BDV), вірусу класичної чуми свиней (CSFV), атипового пестивірусу (APPV), зокрема NRPV, PEDV, RaPV, вірусу примежевої хвороби, ізолятів від північного оленя, жирафа, пестивірусу HoBi та вірусу Bungowannah.

Зокрема, зазначена гетерологічна послідовність кодує поверхневий антиген із зазначених вірусів. Більше конкретно, гетерологічна послідовність кодує поверхневий антиген, вибраний з групи послідовностей, що включає SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 47 і SEQ ID NO: 48, або будь-якої їх комбінації або їх фрагмента або частини.

Відповідно до альтернативного варіанта реалізації зазначена гетерологічна послідовність кодує поверхневий антиген будь-якого вірусу, що представляє інтерес, такого як, серед іншого, PEDV, цирковірус свинячої африканської чуми свиней та PRRSV.

Зокрема, гетерологічна послідовність вставлена в 5'- або 3'-кінцевій області або на 5'- або 3'-кінці Npro або E2.

Згідно з альтернативним варіантом реалізації зазначена гетерологічна послідовність кодує злитий пептид з білком Npro, E2 або E1 пестивірусу.

Даний винахід також відноситься до химерного пестивірусу, який містить нуклеотидну послідовність SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2, або послідовність, яка щонайменше на 60 %, зокрема, щонайменше на 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 99 % ідентична SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2, і чужорідний поліпептид.

Згідно з даним винаходом запропонована вакцина для тварин, яка містить полінуклеотид, композицію, вектор або химерний пестивірус, описані тут.

Крім того, у даному документі запропонований набір для індукції імунної відповіді проти свинячої пестивірусної інфекції у тварини, зокрема у свині, причому зазначений набір включає композицію або вакцину, що описані у даному документі, й інструкції з введення зазначеної композиції зазначеній тварині.

Крім того, у даному документі запропонований спосіб захисту тварини, зокрема свині, зокрема поросяти, від захворювання, асоційованого з пестивірусом, причому цей спосіб включає введення супопросій свиноматці, кнурові, відлученому або ремсвинці, або свиноматці

або ремсвинці до розмноження, композиції або вакцини, описаних у даній заявці, в кількості, достатній для захисту тварини, зокрема, для захисту або лікування тварини від вродженого тремору, зокрема – вродженого тремору А-II.

5 Згідно з конкретним варіантом реалізації винаходу композицію вводять парентерально, зокрема, внутрішньом'язово, підшкірно, внутрішньошкірно або внутрішньовенно, з використанням голки та шприца або безголкового ін'єкційного пристрою; і за допомогою введення через слизувату оболонку носа або перорально.

Відповідно до одного з варіантів реалізації даного винаходу запропонований спосіб виявлення пестивірусу, при якому зразок тестують за допомогою 3Т-ПЛР з використанням щонайменше одного з праймерів, вибраних із 5'-GTKATHCAATACCCTGARGC-3" (SEQ ID NO: 32) і 5'-GGRTTCCAGGARTACATCA-3" (SEQ ID NO: 33).

Далі, у даному документі запропонована діагностична тест-система для виявлення пестивірусу, яка включає щонайменше один праймер, вибраний з SEQ ID NO: 32 і SEQ ID NO: 33.

15 У даному документі також запропонований діагностичний набір для виявлення пестивірусу, який містить щонайменше один праймер, вибраний з SEQ ID NO: 32 і SEQ ID NO: 33, що додатково містить відповідні пристрої й інструкції.

Відповідно до додаткового варіанта реалізації також запропонований спосіб виявлення антигену пестивірусу, що має амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 3 або амінокислотну послідовність, яка щонайменше на 60 % їй ідентична у біологічному зразку, причому зазначений спосіб включає здійснення контакту біологічного зразка, зокрема зразків крові, органів або екскреції з антитілом, що специфічно зв'язується з антигеном зазначеного пестивірусу, якщо він присутній у зазначеному зразку; і виявлення зв'язування зазначеного антитіла з зазначеним антигеном в зазначеному зразку.

25 Згідно з конкретним варіантом реалізації зазначене антитіло являє собою моноклональне антитіло, зокрема, воно являє собою моноклональне антитіло 6A5, як описано Gilmartin A.A. et al., 2012, Protein Eng Des Sel 25.

Згідно з даним винаходом також запропонований спосіб одержання вакцини згідно з даним винаходом, який включає наступні послідовні етапи

- 30 а) зараження культури клітин-хазяїнів полінуклеотидом, вектором або химерним пестивірусом, описаними тут,
- б) інкубування зазначеної культури клітин-хазяїнів для розмноження вірусу,
- в) збір культури клітин-хазяїнів і, необов'язково,
- д) виділення вірусу з культури та
- 35 е) змішування культури з фармацевтично прийнятним носієм.

Один із варіантів реалізації винаходу також передбачає застосування полінуклеотиду, вектора, композиції або химерного пестивірусу, що описані у даній заявці, для приготування вакцини для тварин.

Крім того, у даному документі запропонований полінуклеотид, вектор, композиція або химерний пестивірус, описані у даній заявці, або будь-які їх комбінації, для використання у вакцині або для лікування тварин.

У даному документі також запропонований спосіб боротьби з інфекцією пестивірусом у тварин, при якому вакцину, як описано у даному документі, комбінують з діагностичним набором або тест-системою, описаними у даному документі.

45 ФІГУРИ

Фігура 1: Результати гістопатологічного дослідження у поросят з вродженим тремором (BT).

Фігура 2: Філогенетичний аналіз генома вірусу LINDA, атипичних штамів пестивірусу та штамів пестивірусного типу.

Фігура 3: Філогенетичний аналіз пестивірусних поліпротеїнів.

50 Фігура 4: Порівняння амінокислот білка E2 вірусу LINDA. Послідовності E2 вірусу LINDA (SEQ ID NO: 8), вірусу Bungowannah (SEQ ID NO: 36), вилорогу (SEQ ID NO: 37), жирафа (SEQ ID NO: 38), BDV (SEQ ID NO: 39), північного оленя (SEQ ID NO: 40), вівці (SEQ ID NO: 41), CSFV (SEQ ID NO: 42), BVDV-1 (SEQ ID NO: 43), BVDV-2 (SEQ ID NO: 44), BVDV-3 (SEQ ID NO: 45), пацюка E2 (SEQ ID NO: 46), кажана E2 (SEQ ID NO: 47), APPV E2 (SEQ ID NO: 48).

55 Фігура 5: Ріст пестивірусу LINDA у клітинній культурі.

Фігура 6: Валідація перехресно-реактивного моноклонального антитіла.

Фігура 7: Повнорозмірна ДНК-послідовність вірусу LINDA (SEQ ID NO: 1).

Фігура 8: Повнорозмірна РНК-послідовність вірусу LINDA (SEQ ID NO: 2).

60 Фігура 9: Амінокислотна послідовність вірусу LINDA (SEQ ID NO: 3), амінокислоти, виділені жирним шрифтом, означають можливі сайти вставки. Npro послідовність виділена курсивом.

Фігура 10: Амінокислотні послідовності вірусу LINDA a) Npro (SEQ ID NO: 4), b) Core (SEQ ID NO: 5), c) Erns (SEQ ID NO: 6), d) E1 (SEQ ID NO: 7), e) E2 (SEQ ID NO: 8), f) P7 (SEQ ID NO: 9), g) NS2 (SEQ ID NO: 10), h) NS3 (SEQ ID NO: 11), i) NS4A (SEQ ID NO: 12), j) NS4B (SEQ ID NO: 13), k) NS5A (SEQ ID NO: 14), l) NS5B (SEQ ID NO: 15).

5 Фігура 11: Послідовності ДНК білків вірусу LINDA та нетрансльованих областей. a) 5'-UTR (SEQ ID 16), Npro (SEQ ID 17), c) Core (SEQ ID 18), d) Erns (SEQ ID 19), e) E1 (SEQ ID 20), f) E2 (SEQ ID 21), g) P7 (SEQ ID 22), h) NS2 (SEQ ID 23), i) NS3 (SEQ ID 24), j) NS4A (SEQ ID 25), k) NS4B (SEQ ID 26), l) NS5A (SEQ ID 27), m) NS5B (SEQ ID 28), n) 3'-UTR (SEQ ID 29).

ДОКЛАДНИЙ ОПИС

10 Спеціальні терміни, які використовуються в описі, мають наступне значення.

Терміни "містити", "мати" і "включати", які використовуються у даному документі, можуть використовуватися як синоніми та повинні розумітися як відкрите визначення, що допускає додаткові елементи або частини або елементи. "Що складається" вважається найбільше близьким визначенням без додаткових елементів ознаки визначення "стану з". Таким чином, "що містить" є більше широким і містить в собі визначення "що складається".

15 Використовуваний у даній заявці термін "приблизно" відноситься до того самого значення або значення, що відрізняється на +/- 5 % від зазначеного значення.

У запропонованих у даній заявці ідентифікаторах послідовностей нуклеотиди представлені в стандартному коді ДНК IUPAC-IUB. Однак, як зрозуміло фахівцю, геномні послідовності пестивірусу в природі перебувають у формі РНК, де Т буде відповідати У. Послідовність РНК пестивірусу згідно з даним винаходом, зокрема, являє собою SEQ ID NO: 2.

Термін "інфекційний" відноситься до полінуклеотиду, що має послідовність SEQ ID NO. 2 або щонайменше їх частини або фрагменти, такі як область кодування NSP, яка може бути повністю реплікована в клітині-хазяїні або тварині.

25 Терміни "гомологія" або "ідентичність" можуть використовуватися взаємозамінно та відносяться до ідентичності відповідних залишків нуклеїнової кислоти. Відсоток ідентичних залишків (відсоток ідентичності) використовують для кількісної оцінки гомології/ідентичності.

Використовуваний у даній заявці термін "ослаблений" відноситься до вірусу, який має полінуклеотидну послідовність, що походить з пестивірусу або походить з неї, який має нуклеотидну послідовність SEQ ID No. 1 або SEQ ID NO. 2 або щонайменше їх частини або фрагменти, де вірус має знижену вірулентність у порівнянні з іншим вірусом того самого виду або ізоляту, таким як вірус або ізолят дикого типу. Фактично, "ослаблений" означає зменшене поширення через тіло зараженої цільової тварини, наприклад інфекція плода; викликаючи менше патологій, наприклад (ознак) захворювання; і/або для позначення зменшеного поширення в навколишнє середовище. Чи є пестивірус ослабленим і чи є цей рівень ослаблення достатнім для використання відповідно до винаходу, наприклад, щодо його використання у живій вакцині, може бути визначено з використанням стандартних процедур *in vitro* або *in vivo*. Наприклад, порівнюючи віруси, порівнюючи вплив модифікації на швидкість реплікації вірусу в клітинній культурі або в зараженій тварині, тестуючи наявність вірусу в різних тканинах або органах або в калі зазначеної тварини, і відслідковуючи клінічні, макроскопічні або мікроскопічні ознаки захворювання у тварини або плода.

Ослаблення може бути виконане шляхом, серед іншого, модифікації гена Npro або гена NS2-3 вірусу за даним винаходом, в результаті чого у пестивірусі з'явиться модифікація, зокрема мутація епітопу, розташованого у білку Npro, білку NS2 або дуплікації, визначених областей генома, так що підсилюється розщеплення NS2-3. На це не впливають мутації епітопу, що розташований у геліказному домені білка NS3, так що епітоп не є реактивним або є менше реактивним відносно антитіла проти цього епітопу у порівнянні з пестивірусом дикого типу.

Використовуваний у даній заявці термін "інактивований" відноситься до вірусу, який має полінуклеотидну послідовність, що походить з пестивірусу або походить з неї, який має нуклеотидну послідовність SEQ ID No. 1 або SEQ ID NO. 2 або щонайменше їх частини або фрагменти, причому вірус втратив свою вірулентність у порівнянні з іншим вірусом того самого виду або ізолятом, таким як вірус або ізолят дикого типу, шляхом вбивства вірусу хімічними речовинами, теплом або радіацією.

Інактивацію можна виконати, серед іншого, такими способами, як обробка інактивуючим агентом, вибраним із групи, що складається з бінарного етиленіміну, етиленіміну, ацетилетиленіміну, бета-етиленіміну, бета-пропіолактону, глутаральдегіду, озону та формальдегіду.

В якості альтернативи може бути виконана фізична інактивація, така як, серед іншого, обробка УФ-випромінюванням, рентгенівським випромінюванням, гамма-випромінюванням, відтаюванням і/або нагріванням.

Полінуклеотидна молекула являє собою біополімер, що складається з 13 або більше нуклеотидних мономерів, ковалентно зв'язаних у ланцюзі. Прикладами полінуклеотидів є ДНК (дезоксирибонуклеїнова кислота) і РНК (рибонуклеїнова кислота). Використовуваний у даній заявці термін "екзогенний полінуклеотид" або "гетерологічний полінуклеотид" відноситься до

будь-якої полінуклеотидної послідовності, що не зустрічається у природі у пестивірусі, що кодується послідовностями згідно з даним винаходом.

Використовуваний у даній заявці термін "амінокислота" означає одну з амінокислот, що зустрічаються у природі, з яких складаються білки. Термін "поліпептид", як описано у даному документі, відноситься до полімеру з амінокислотних залишків, з'єднаних пептидними зв'язками, незалежно від того, чи отриманий він природним або синтетичним шляхом. Поліпептиди з менше ніж 10 амінокислотними залишками зазвичай називають "пептидами".

"Білок" являє собою макромолекулу, що містить одну або декілька поліпептидних ланцюгів. Білок також може містити непептидні компоненти, такі як вуглеводні групи. Вуглеводи й інші непептидні замісники можуть бути додані до білка клітини, в якій продукуються білки, і будуть варіюватися залежно від типу клітини. Білки визначені у даному документі виходячи з їх амінокислотних каркасних структур; замісники, такі як вуглеводні групи, зазвичай не зазначені, але, проте, можуть бути присутніми.

Поліпептидна або амінокислотна послідовність, "отримана із" зазначеної послідовності нуклеїнової кислоти, відноситься до поліпептиду, що має амінокислотну послідовність, ідентичну амінокислотній послідовності поліпептиду, що кодується у цій послідовності, або його частини, причому частина складається щонайменше з 15 амінокислот, конкретно щонайменше 20 амінокислот, більше конкретно щонайменше 30 амінокислот, більше конкретно щонайменше 50 амінокислот, або які імунологічно ідентифікуються з поліпептидом, що кодується у послідовності. Ця термінологія також включає поліпептид, що експресується з позначеної послідовності нуклеїнової кислоти.

Зокрема, гетерологічний поліпептид являє собою імуногенний поліпептид.

Як правило, імунна відповідь виробляється на антиген за допомогою взаємодії антигену з клітинами імунної системи. Імунні відповіді можна широко розділити на дві категорії: гуморальні та клітинно-опосередковані імунні відповіді (наприклад, традиційно характеризовані антитілами та клітинними ефекторними механізмами захисту, відповідно). Ці категорії відповіді були названі відповіддю Th1-типу (клітинно-опосередкована відповідь) й імунною відповіддю Th2-типу (гуморальна відповідь). Стимуляція імунної відповіді може бути результатом прямої або непрямой реакції клітини або компонента імунної системи на вплив імуногену. Імунні відповіді можуть бути виміряні багатьма способами, включаючи активацію, проліферацію або диференціювання клітин імунної системи (наприклад, В-клітини, Т-клітини, дендритні клітини, APC, макрофаги, NK-клітини, NKT-клітини і т.д.); підвищену або знижену експресію маркерів і цитокінів; стимуляцію титру IgA, IgM або IgG; спленомегалію (включаючи підвищену клітинність селезінки); гіперплазію та змішані клітинні інфільтрати в різних органах. Інші відповіді, клітини та компоненти імунної системи, які можна оцінити у відношенні імуностимуляції, відомі в даній області техніки.

"Промотор РНК-полімерази" згідно з винаходом може являти собою будь-яку область, що містить послідовність, специфічно розпізнавану РНК-полімеразою (РНКП). Промотор може бути функціонально пов'язаний з послідовністю, що кодує РНК-мішень. Однією з особливостей даних варіантів реалізації є використання промотору РНК-полімерази та РНК-полімерази, таких як будь-яка РНК-полімераза та промотор, відомі в даній області техніки. Деякими прикладами у даному документі, хоча і не обмежувачими, є T7 RNAP промотор і T7 RNAP. Інші приклади полімераз із промоторами включають T7 RNAP із промотором T7 RNAP класу III або промотором T7 phi 2.5 RNAP, SP6 RNAP із промотором SP6 RNAP, T3 RNAP із промотором T3 RNAP, Syn5 RNAP із промотором Syn5 RNAP, E.coli RNAP із промотором T5.

Термін "вектор" або "плазмідний вектор" у даному документі означає систему, яка містить щонайменше один вектор, що підходить для трансформації, трансфекції або трансдукції клітини-хазяїна. Таким чином, "вектор" як такий означає вантаж для доставки біомолекули в цільову клітину-хазяїна, причому біомолекула включає молекулу нуклеїнової кислоти, включаючи ДНК, РНК і кДНК, або, у випадку системи трансфекції в якості вектора, молекулу амінокислоти, або їх комбінацію. Пестивірус згідно з даним винаходом можна використовувати в якості вектора згідно з даним винаходом, оскільки він містить всі регуляторні елементи, необхідні для реплікації. Альтернативним вектором за даним винаходом є плазміда або вектор експресії, який може бути круговим або лінійним. Вектор експресії може містити один вектор, що кодує щонайменше одну молекулу-мішень, переважно молекулу нуклеїнової кислоти, що підлягає введенню в клітину-хазяїна. Вектор векторної системи також може містити більше

однієї молекули-мішені, що підлягає введенню. В якості альтернативи, векторна система може бути побудована з декількох окремих векторів, що несуть щонайменше одну цільову молекулу, що підлягає введенню. Вектор експресії додатково містить всі елементи, необхідні для керування транскрипцією та/або трансляцією розглянутої послідовності в клітині-хазяїні, для якої призначений цей вектор експресії. Ці елементи включають, серед іншого, регуляторні елементи, які беруть участь в регуляції транскрипції, включаючи промотори і тому подібне, що функціонують в клітині-хазяїні, що розглядається. Крім того, вектор експресії містить джерело реплікації та, необов'язково, залежно від типу вектора та передбачуваного використання, селектований маркерний ген, сайт множинного клонування, мітку, яка повинна бути прикріплена до розглянутої послідовності, хромосомну інтеграційну касету та т.п. Вибір і можлива модифікація підходящого вектора експресії для використання з відповідною клітиною-хазяїном і послідовністю, що розглядається, яка повинна бути вставлена у вектор експресії, знаходиться в межах можливостей фахівця в даній області техніки.

Термін "кДНК" означає комплементарну ДНК і відноситься до послідовності/молекули нуклеїнової кислоти, що отримана зворотньою транскрипцією з молекули РНК, оскільки для фахівця в даній області техніки це є стандартним способом одержання кДНК з даної послідовності та подальшого використання цієї кДНК або клонування зазначеної кДНК у вектор, плазмідний вектор, що переважно представляє інтерес.

Використовуваний у даній заявці термін "функціонально зв'язаний" використовується для опису зв'язку між регуляторними елементами та геном або його кодуючою областю. Як правило, експресія гена перебуває під контролем одного або декількох регуляторних елементів, наприклад, без обмеження, конститутивних або індукцибельних промоторів, тканиноспецифічних регуляторних елементів й енхансерів. Говорять, що ген або кодуюча область "функціонально зв'язані" або "функціонально асоційовані з" регуляторними елементами, що означає, що ген або кодуюча область перебувають під контролем або впливом регуляторного елемента. Наприклад, промотор функціонально зв'язаний з кодуючою послідовністю, якщо цей промотор здійснює транскрипцію або експресію цієї кодуючої послідовності.

Полінуклеотид згідно з даним винаходом містить нуклеотидну послідовність, яка має щонайменше 60 %, зокрема щонайменше 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % або 100 % ідентичності SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2.

У певному варіанті реалізації полінуклеотид складається з нуклеотидної послідовності SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2.

Далі у даному документі пропонується композиція, яка містить пестивірус свині, що має нуклеотидну послідовність щонайменше з 60 %, зокрема щонайменше з 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % або 100 % ідентичності SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2.

Полінуклеотидні послідовності згідно з даним винаходом можна використовувати для кодування пестивірусних білків або поліпептидів, зокрема, Npro, Core, Erns, E1, E2, P7, NS2, NS3, NS4A, NS4B, NS5A, NS5B пестивірусу згідно з даним винаходом.

У даній заявці запропонований свинячий пестивірус, який містить поліпротеїн, що має амінокислотну послідовність щонайменше на 55 % ідентичну SEQ ID NO: 3, зокрема, що має щонайменше 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 %, 100 % ідентичності SEQ ID NO: 3.

У даній заявці також запропонований поліпептид, який містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 4 (Npro) або амінокислотну послідовність, що має щонайменше 65 %, що конкретно має щонайменше 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 4.

У даній заявці також запропонований поліпептид, який містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 5 (білок Core) або амінокислотну послідовність, що має щонайменше 85 %, що конкретно має щонайменше 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 5.

У даній заявці також запропонований поліпептид, який містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 6 (білок Erns) або амінокислотну послідовність, що має щонайменше 75 %, що конкретно має щонайменше 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 6.

87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 6.

У даній заявці також запропонований поліпептид, який містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 7 (білок E1) або амінокислотну послідовність, що має щонайменше 75 %, що конкретно має щонайменше 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 7.

У даній заявці також запропонований поліпептид, який містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 8 (E2) або амінокислотну послідовність, що має щонайменше 55 %, що конкретно має щонайменше 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 8.

У даній заявці також запропонований поліпептид, який містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 9 (P7) або амінокислотну послідовність, що має щонайменше 65 %, що конкретно має щонайменше 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 9.

У даній заявці також запропонований поліпептид, який містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 10 (NS2) або амінокислотну послідовність, що має щонайменше 65 %, що конкретно має щонайменше 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 10.

У даній заявці також запропонований поліпептид, який містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 11 (NS3) або амінокислотну послідовність, що має щонайменше 90 %, що конкретно має щонайменше 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 11.

У даній заявці також запропонований поліпептид, який містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 12 (NS4A) або амінокислотну послідовність, що має щонайменше 85 %, що конкретно має щонайменше 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 12.

У даній заявці також запропонований поліпептид, який містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 13 (NS4B) або амінокислотну послідовність, що має щонайменше 80 %, що конкретно має щонайменше 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 13.

У даній заявці також запропонований поліпептид, який містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 14 (NS5A) або амінокислотну послідовність, що має щонайменше 55 %, що конкретно має щонайменше 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 14.

У даній заявці також запропонований поліпептид, який містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 15 (NS5B) або амінокислотну послідовність, що має щонайменше 75 %, що конкретно має щонайменше 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 99,5 % ідентичності SEQ ID NO: 15.

Як описано у даному документі, пестивірус згідно з даним винаходом і полінуклеотид, що кодує зазначений вірус, можуть бути використані для експресії однієї або декількох гетерологічних послідовностей.

Зазначеною гетерологічною послідовністю може бути будь-яка послідовність, яка не походить або не отримана з пестивірусу за даним винаходом або з полінуклеотиду SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2. Зазначена гетерологічна послідовність може кодувати гетерологічний поліпептид або білок або його частину з цирковірусу свиней 2 (PCV2), вірусу вірусної діареї великої рогатої худоби-1 (BVDV-1) і BVDV-2, вірусу примежевої хвороби (BDV), вірусу класичної чуми свиней (CSFV), атипового пестивірусу (APPV), зокрема NRPV, RaPV і вірусу примежевої хвороби. Така гетерологічна послідовність може кодувати поверхневий антиген із будь-яких вірусів або отриманих із них синтетичних послідовностей, як зазначено вище. Зокрема, гетерологічна послідовність вставлена в 5'- або 3'-кінець Npro або E2. Більше конкретно, гетерологічна послідовність кодує злитий пептид з Npro, E2 або E1 або частиною або фрагментом Npro, E2 або E1 пестивірусу.

Ще більше конкретно, послідовності можуть містити будь-яку з SEQ ID NO: 61 (Bungowannah), SEQ ID NO: 49 (вилоріг), SEQ ID NO: 50 (жираф), SEQ ID NO: 51 (BDV), SEQ ID NO: 52 (північний олень), SEQ ID NO: 53 (вівця), SEQ ID NO: 54 (CSFV), SEQ ID NO: 55 (BVDV-1), SEQ ID NO: 56 (BVDV-2), SEQ ID NO: 57 (BVDV-3), SEQ ID NO: 58 (пацюк), SEQ ID NO: 59 (кажан), SEQ ID NO: 60 (APPV) або будь-яку їх комбінацію або частину відповідної послідовності, що кодує білок Npro, core, Erns, E1, E2, P7, NS2, NS3, NS4A, NS4B, NS5A та NS5B будь-якого з перерахованих вище пестивірусів. Таким чином, хоча у будь-якій з SEQ ID NO: 48-SEQ ID NO: 60 наведена повнорозмірна амінокислотна послідовність, фахівець в даній області техніки може легко визначити відповідну часткову послідовність білка, що представляє інтерес. Таким чином, в межах обсягу винаходу також гетерологічний білок або поліпептид, який кодується вірусом згідно з даним винаходом, що має послідовність білка Npro, ядра, Erns, E1, E2, P7, NS2, NS3, NS4A, NS4B, NS5A та NS5B SEQ ID NO: 48-60 або послідовність, що має щонайменше 90 %, конкретно щонайменше 95, більше конкретно щонайменше 99 % ідентичності з ними.

Гетерологічна послідовність може бути вставлена у полінуклеотид послідовності SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2 згідно з даним винаходом. Вставка може бути виконана будь-яким способом, відомим фахівцю в даній області техніки.

Відповідно до одного варіанта реалізації, гетерологічний поліпептид вбудований в N-кінцеву або C-кінцеву область.

Використовуваний у даній заявці термін "область" у зв'язку з N-кінцем, зокрема, означає, що поліпептид вбудований у перші 15, зокрема, в 10, зокрема, в 5 N-кінцевих амінокислот. У зв'язку з C-кінцем, гетерологічна послідовність вставлена в 15, зокрема в 10, зокрема в 5 C-кінцевих амінокислот.

У контексті винаходу гетерологічний поліпептид може бути вставлений в N-кінцеву послідовність MEFK (SEQ ID NO: 30) білка Npro або C-кінцеву послідовність SCSD (SEQ ID NO: 31) білка Npro. Гетерологічна послідовність також може бути вставлена між N-кінцевим метіоніном і глутаміною кислотою (ME) та/або між C-кінцевим цистеїном і серином (CS) білка Npro.

Щоб забезпечити достатнє розщеплення гетерологічного поліпептиду, додатково вставляють проліферативні послідовності в C-кінцеву область гетерологічного поліпептиду, наприклад, серед іншого, додатково вводять білок убіквітин або білок пікорнавірусу 2A.

В якості альтернативи, гетерологічний поліпептид також може бути вставлений в N-кінцеві 11, 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2 амінокислоти послідовності E2, конкретно між N-кінцевими амінокислотами лейцин і глутамінова кислота.

Ген є "химерним", якщо він являє собою сукупність частин, які початково не були зв'язані. Наприклад, сукупність частин одного і того самого гена з різних вірусних ізолятів або видів. Химерний ген кодує химерний білок, який фактично є злитим білком.

Термін "химерний пестивірус" відповідно до винаходу відноситься до пестивірусу згідно з даним винаходом, який містить одну або декілька з SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29 або будь-які їх комбінації або послідовності, щонайменше на 90 %, зокрема, щонайменше на 95 %, щонайменше на 99 % ідентичні їм або будь-яким їх комбінаціям, що додатково містить нуклеотидну послідовність з чужорідного поліпептиду. Зазначений чужорідний поліпептид може походити з генетично відмінного пестивірусу. Чужорідний поліпептид може походити, серед іншого, з вірусу вірусної діареї великої рогатої худоби-1 (BVDV-1) і BVDV-2, вірусу примежевої хвороби (BDV), вірусу класичної чуми свиней (CSFV), атипового пестивірусу (APPV), зокрема, NRPV, PEDV, RaPV, вірусу примежевої хвороби, ізолятів від північного оленя, жирафа, пестивірусу HoBi та вірусу Bungowannah або будь-якого їх фрагмента або похідної.

Описані у даній заявці пестивірус, композиція, вектор або химерний вірус можуть бути використані для приготування фармацевтичної композиції, зокрема вакцини.

"Вакцина" являє собою імуногенну композицію, яка має невід'ємний медичний ефект. Вакцина містить імунологічно активний компонент і фармацевтично прийнятний носій. "Імунологічно активний компонент" являє собою одну або декілька антигенних молекул, які розпізнаються імунною системою-мішенню, тобто безпосередньо пестивірусом за даним винаходом, або вектором або химерним пестивірусом, описаним у даній заявці, й які індукують захисну імунологічну відповідь. Вакцина, як правило, ефективна для зниження рівня або ступеня інфекції, наприклад, шляхом зниження вірусного навантаження або скорочення тривалості реплікації вірусу у тварини-хазяїна. Також вакцина, як правило, ефективна в

зменшенні або ослабленні симптомів захворювання, яке може бути викликане або може бути результатом такої вірусної інфекції або реплікації, або реакцією тварини на цю інфекцію.

Ефект вакцини згідно з даним винаходом полягає в запобіганні або зменшенні у тварин інфекції, що викликана пестивірусом, й/або ознак захворювання, які асоційовані з такою вірусною інфекцією або реплікацією, за допомогою індукції імунологічної відповіді, такої як індукція вірус-нейтралізуючих антитіл й/або індукція клітинної імунної відповіді.

Вакцини, зокрема живі ослаблені або інактивовані вакцини, можуть бути отримані у ліофілізованій формі. Методи ліофілізації виморожуванням добре відомі в даній області техніки. Ліофілізована форма може являти собою, але не обмежена, корж або ліосферу. Для відновлення вакцину можна ресуспендувати у фізіологічно прийнятному розріджувачі. Розріджувач може містити додаткові сполуки, такі як ад'ювант.

"Тварини", для яких призначена вакцина згідно з винаходом, являють собою тварин, схильних до зараження пестивірусом. В основному це будуть тварини-савці (не люди), а також члени загону Artiodactyla. Переважними тваринами-мішенями для вакцини згідно з даним винаходом є жуйні тварини та свині; особливо поросята. Термін "поросята", зокрема, відноситься до відлучених поросят, більше конкретно ранніх відлучених поросят, віком від приблизно 10 днів до 3 тижнів, вагою приблизно 4-5 кг, або звичайних відлучених поросят, від приблизно 3 до 5 тижнів, від приблизно 5 до 10 кг. Однак відлучені поросята можуть бути віком приблизно 12 тижнів.

Термін "кнур" відноситься до самця свині без кастрації.

Термін "ремсвинка" відноситься до молодшої самки свині. В даному описі ремсвинка – це свиня до першого опоросу, віком усього декілька місяців або приблизно року. Ремсвинка є інтактною або здатна розмножуватися та давати потомство, й її репродуктивні органи не зазнали хірургічної або хімічної зміни. Термін "свиноматка" відноситься до дорослої самки свині.

Вакцина згідно з винаходом може являти собою живу, живу ослаблену, інактивовану або субодиничну вакцину або будь-яку їх комбінацію.

В якості альтернативи, вакцина згідно з даним винаходом або її частина може бути субодиничною вакциною. Її можна одержати або з живого, або з інактивованого вірусу, застосовуючи одну або декілька (додаткових) стадій для фракціонування або виділення однієї або декількох частин вірусної частинки. Це включає, наприклад, одержання екстракту, фракції, гомогенату або сонікату, всі подробиці чого добре відомі в даній області техніки.

Вакцина згідно з даним винаходом також може бути живою вакциною. Для цілей винаходу термін "живий" відноситься до пестивірусу згідно з даним винаходом, який здатний до реплікації.

Вакцина згідно з даним винаходом також може містити ад'ювант. Це особливо корисно, коли вакцина є інактивованою або субодиничною вакциною. Однак живі вакцини також можуть містити ад'ювант, хоча його слід ретельно вибирати, щоб не знизити життєздатність вакцинного вірусу навіть при тривалому зберіганні.

"Ад'ювант" являє собою добре відомий інгредієнт вакцини, який, як правило, являє собою речовину, що стимулює імунну відповідь мішені неспецифічним чином. Прикладами ад'ювантів для інактивованих/субодиничних вакцин є, серед іншого, повні або неповні ад'юванти Фрейнда, вітамін Е, композиції, що містять алюміній, такі як фосфат алюмінію або гідроксид алюмінію, Polygen™, неіонні блок-полімери та поліаміни, такі як декстрансульфат, поліакрилова кислота, сапонін. Крім того, в якості ад'юванта часто використовуються пептиди, такі як мураміддипептиди, диметилгліцин, туфтсин, і масляні емульсії з використанням мінеральної олії або легкої мінеральної (парафінової) олії; або немінеральна олія, така як сквален, сквалан, або рослинні олії, наприклад, етил-олеат. Емульсія вакцини може бути у формі вода-в-олії (в/о), олія-у-воді (о/в), вода-в-олії-у-воді (в/о/в), або подвійна масляна емульсія (DOE) та т.д. В якості альтернативних і більше підходящих для використання з живою вакциною, до вакцини згідно з даним винаходом можуть бути додані інші імуностимулюючі компоненти, такі як цитокін або імуностимулюючий олігодезоксинуклеотид. Імуностимулюючий олігодезоксинуклеотид переважно являє собою імуностимулюючий неметильований CpG-вмісний олігодезоксинуклеотид (INO).

Вакцина може бути складена у вигляді рідини для ін'єкцій, такої як: суспензія, розчин, дисперсія або емульсія. В якості альтернативи, вакцина може бути складена у ліофілізованій формі. Зазвичай вакцини готують стерильними. Належний склад може залежати від різних факторів, таких як вибраний шлях введення.

Тварина, зокрема поросля, може бути захищена шляхом вакцинації проти будь-якого захворювання, асоційованого з пестивірусом, шляхом введення тварині, особливо вагітній

свиноматці, кнуру, відлученому поросяті, ремсвинці або свиноматці або ремсвинці до опоросу, композиції, що описана у даній заявці, в кількості, достатній для захисту поросяти.

"Захворювання" являє собою будь-яке захворювання, викликане пестивірусом, зокрема, це вроджений тремор, більше конкретно, вроджений тремор A-II, класична чума свиней та діарея великої рогатої худоби.

Для введення композиція, наприклад, вакцина може містити титр вірусу TCID₅₀, рівний щонайменше приблизно 1×10^4 , зокрема щонайменше 1×10^5 , 1×10^6 , 1×10^7 , 1×10^8 . Визначення дозування, тобто кількості вірусу, що вводиться, може залежати від способу введення. Наприклад, при введенні вірусу пероральним або інтраназальним шляхом на дозу слід вводити TCID₅₀ не менше 1×10^6 , а при введенні вірусу внутрішньом'язово – TCID₅₀ не менше 1×10^4 на дозу, однак винахід також охоплює більше високі титри, наприклад, титр 1×10^5 , 1×10^6 , 1×10^7 або більше. Відповідна доза може бути визначена фахівцем в даній області техніки.

Даний винахід також відноситься до нової системи аналізу із застосуванням ЗТ-ПЛР пестивірусу для виявлення APPV, BDV, CSFV, BVDV-1, BVDV-2 і вірусу LINDA. Зокрема, виявлення геномів пов'язане з наявністю специфічних для пестивірусу генів (Npro й Erns), а також з гомологією послідовності до інших пестивірусів у консервативних геномних областях (NS3 і NS5B). Загальна нуклеотидна ідентичність між виділеним пестивірусом згідно з даним винаходом (вірус LINDA) і найбільше близьким відомим пестивірусом (вірус Bungowannah) становить нижче 68,0 %.

В якості альтернативи може бути розроблена тест-система для специфічного виявлення пестивірусу згідно з даним винаходом у вигляді скринінгу на позитивний маркер для ефективної вакцинації. Така тест-система буде використовувати антитіла проти білка, що експресується пестивірусом відповідно до винаходу, або буде використовувати пестивірус в якості антигену для виявлення антитіл.

У контексті винаходу "антитіла" являють собою білки імуноглобуліну або їх частини, які можуть специфічно зв'язуватися з епітопом. Для сіркодіагностики антитіла зазвичай мають тип IgG або IgM. Такими антитілами можуть бути інтактні або часткові антитіла, наприклад, однокланові антитіла або частина імуноглобуліну, що містить антигензв'язуючу область. Вони можуть мати різну форму: (синтетичну) конструкцію таких частин за умови, що частини антитіла все ще містять антигензв'язуючий сайт. Добре відомими субфрагментами імуноглобулінів є: фрагменти Fab, Fv, scFv, dAb або Fd, домени Vh або мультимери таких фрагментів або доменів. Також антитіла можуть бути позначені одним або декількома способами для полегшення або посилення виявлення.

Таким чином, в одному варіанті реалізації способу забезпечують диференціювання вакцинованих і невакцинованих або інфікованих і неінфікованих тварин з використанням або праймера, описаного тут, антитіла 6A5, або аналізів нейтралізації сироватки з використанням вірусу LINDA та чутливих клітинних культур. Спосіб диференціювання згідно з винаходом може бути здійснений з використанням будь-якого підходящого методу імунодіagnostичних аналізів. Часто такі імунодіagnostичні системи аналізу включають етап для посилення рівня сигналу й один або декілька етапів для вимивання незв'язаних, неспецифічних або небажаних компонентів. Виявлення позитивного сигналу може бути виконане різними способами, наприклад оптично шляхом виявлення зміни кольору, флуоресценції або зміни розміру частинок, або, в якості альтернативи, шляхом виявлення радіоактивно мічених антигенів або антитіл в імунних комплексах. Аналогічно фізична форма тесту може широко варіюватися та може, наприклад, використовувати мікротитраційну пластину, мембрану, тест-смужку, біосенсорний чип, гелеву матрицю або розчин, що містить (мікро-) частинки носія, такі як латекс, метал або полістирол і т. д.

Вибір конкретної схеми такого імунодіagnostичного аналізу зазвичай визначається типом вхідного зразка, бажаною чутливістю тесту (правильна ідентифікація позитивного зразка) та специфічністю тесту (правильне розрізнення істинно позитивного й істинно негативного зразка). Такі властивості залежать від сили та швидкості імунної відповіді або наявності мікроорганізму. Крім того, вирішальне значення для вибору конкретного формату можуть мати вимоги до економічності при тестуванні, такі як застосовність у великих масштабах і витрати.

Добре відомими імуно-діagnostичними тестами є: радіоімуноаналіз, імуно-дифузія, імунофлуоресценція, імуноосадження, аглютинація, гемоліз, нейтралізація й "імуноферментний твердофазний аналіз" або ІФА. Особливо для великомасштабного тестування може знадобитися автоматизація роботи з рідиною та/або зчитування й обробки результатів. Системи аналізу ІФА легко масштабуються та можуть бути дуже чутливими. Ще однією перевагою є динамічний діапазон результатів, оскільки зразки можна тестувати в діапазоні розведень. Результати виражаються в довільних одиницях оптичної щільності, зазвичай від 0,1

до 2,5 одиниць оптичної щільності (OD) або у вигляді "% блокування", залежно від властивостей тесту та налаштувань технічного обладнання, що використовується для зчитування. Зазвичай в аналіз включають позитивні та негативні контрольні зразки, й у більшості випадків зразки тестують у багаторазовому порядку. Стандартизація досягається шляхом включення (діапазону розведення) певного еталонного зразка, що також дозволяє співставити певну оцінку з попередньо встановленими значеннями для визначення позитивних або негативних зразків і забезпечує кореляцію з біологічним значенням, наприклад: кількість антигену з активністю, або кількість антитіл з рівнем імунного захисту.

Відомо багато варіантів виконання ІФА, але зазвичай в них використовується іммобілізація антигену або антитіла у твердій фазі, наприклад у лунці мікротитраційного планшета. Коли антитіло іммобілізоване, тест називається ІФА з "захопленням" або "сендвічем". Потім додають тестовий зразок, забезпечуючи зв'язування ліганду (наприклад, детектованого антигену або антитіла). Потім додають детектор (антитіло, антиген або інший сполучний компонент), який часто кон'югований з міткою, наприклад, з ферментом, здатним викликати колірну реакцію, яка може бути прочитана спектрофотометрично. Інші типи міток можуть використовувати люмінесценцію, флуоресценцію або радіоактивність. Використання маркованого детектора призначене для забезпечення посилення рівня сигналу для підвищення чутливості тесту, однак воно також може вводити фоновий сигнал, зменшуючи відношення сигнал/шум.

Способи збору та приготування зразків добре відомі в даній області техніки. Такими зразками може бути біологічний зразок будь-якого типу, в якому присутня достатня кількість вірусу, що виявляється, або антитіла. Зазвичай такими зразками можуть бути: кров, сироватка, молоко, сперма, сеча, кал або зразок тканини, такий як вушна пункція.

Конкретні подробиці "підходящого імуноаналізу", наприклад, для виявлення невакцинного пестивірусу можуть залежати від особливостей зразка, вірусу або інших параметрів тесту, який повинен бути виконаний.

Також для виконання діагностичного аналізу пропонується "діагностичний набір", який відноситься до набору деталей для виконання способів диференціації або способу діагностики відповідно до винаходу. Набір містить один або декілька компонентів для застосування описуваних способів, зокрема всі частини, необхідні для проведення ЗТ-ПЛР, і праймери, вибрані з SEQ ID NO: 26 і SEQ ID NO: 27. Необов'язково, у набір включені інструкції, як виконати спосіб й як читати й інтерпретувати результати.

Як зазначено вище, пестивірус згідно з даним винаходом може ефективно розмножуватися в клітинній культурі.

У способі згідно з винаходом і для ампліфікації пестивірусу згідно з винаходом вірус продукують у підходящих клітинах-хазяїнах. Це може бути виконано шляхом інокуляції на клітинах-хазяїнах й ампліфікації шляхом природньої реплікації.

Клітиною-хазяїном може бути первинна клітина, наприклад, отримана з тканини тварини. Підходящі клітини-хазяїни для реплікації пестивірусу добре відомі в даній області техніки і, як правило, загальнодоступні. Способи, середовища та матеріали для одержання та культивування клітин-хазяїнів згідно з винаходом добре відомі в даній області техніки. Прикладами підходящих клітин-хазяїнів є клітинні лінії, такі як: бичачі клітинні лінії, такі як: MDBK (клітини бичачих нирок Madin Darby); клітинні лінії свиней, такі як: PK15 або SK-6 (свиняча нирка) або STE (епітеліоїд яєчка у свині); або клітинні лінії загального призначення, такі як: Vero (клітини нирки африканської зеленої мавпи), MDCK (нирка собаки Madin Darby) або клітини PT (епітеліальні клітини нирки вівці). Кращими клітинами-хазяїнами є клітини SK-6 або PK-15. Зокрема, пестивірус згідно з даним винаходом можна легко розмножувати на клітинах SK-6 або PK-15 до високих титрів ($> 10^7$) без необхідності адаптації. Це робить пестивірус, що заявляється, дуже вигідним для ефективного приготування вакцинних композицій, а також для використання в якості вірусного вектора.

У певні моменти циклу реплікації вірусу такі клітини-хазяїни будуть містити пестивірус згідно з даним винаходом. Таким чином, в додатковому аспекті винахід відноситься до клітини-хазяїна, що містить пестивірус відповідно до винаходу або одержують способом згідно з даним винаходом.

Для розмноження культуру клітини-хазяїна інфікують полінуклеотидом, вектором або химерним пестивірусом, описаними тут, потім культуру клітини-хазяїна інкубують для розмноження вірусу у відповідних умовах, культуру клітини-хазяїна збирають повністю або частково, і виділяють вірус із клітинної культури або її супернатанта. Необов'язково, до вірусу або клітинної культури додають фармацевтично прийнятний носій.

Даний винахід також відноситься до наступних пунктів:

1. Виділений полінуклеотид, який містить нуклеотидну послідовність SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2 або послідовність щонайменше з 60 %, зокрема, з 70 % ідентичністю з ними.

2. Полінуклеотид за п.1, який є інфекційним полінуклеотидом.

3. Полінуклеотид за п. 1 або 2, який відрізняється тим, що полінуклеотид є присутнім у клітині.

4. Полінуклеотид за будь-яким із пп. 1-3, який відрізняється тим, що промотор РНК-полімерази функціонально зв'язаний з полінуклеотидом.

5. Полінуклеотид за будь-яким із пп. 1-4, який відрізняється тим, що полінуклеотид додатково містить екзогенний полінуклеотид.

6. Полінуклеотид за будь-яким із пп. 1-4, який відрізняється тим, що полінуклеотид є присутнім у векторі.

7. Полінуклеотид кДНК з послідовністю SEQ ID NO: 1.

8. Полінуклеотид кДНК, що має щонайменше 65 %, щонайменше 70 %, щонайменше 80 %, щонайменше 85 %, щонайменше 90 %, щонайменше 95 % гомології з SEQ ID NO: 1.

9. Інфекційний полінуклеотид, який містить послідовність, вибрану з групи SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29 або будь-які їх комбінації або послідовність з ідентичністю не менше 95 % з ними.

10. Композиція, яка містить свинячий пестивірус, що має нуклеотидну послідовність SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2 або послідовність щонайменше з 60 %, конкретно щонайменше з 70 % ідентичністю з ними.

11. Композиція, яка містить свинячий пестивірус, що містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 3 або послідовність, ідентичну їй щонайменше на 60 %.

12. Композиція, яка містить свинячий пестивірус, що містить одну або декілька амінокислотних послідовностей, вибраних із групи, що складається з SEQ ID NO: 4 (Npro), SEQ ID NO: 5 (Core), SEQ ID NO: 6 (Erns), SEQ ID NO: 7 (E1), SEQ ID NO: 8 (E2), SEQ ID NO: 9 (P7), SEQ ID NO: 10 (NS2), SEQ ID NO: 11 (NS3), SEQ ID NO: 12 (NS4A), SEQ ID NO: 13 (NS4B), SEQ ID NO: 14 (NS5A) і SEQ ID NO: 15 (NS5B).

13. Композиція за будь-яким із пп. 10-12, в якій свинячий пестивірус інактивований або ослаблений.

14. Композиція за п. 13, в якій зазначений пестивірус являє собою хімічно інактивований вірус, який специфічно інактивований шляхом обробки інактивуючим агентом, вибраним із групи, що складається з бінарного етиленіміну, етиленіміну, ацетилетиленіміну, бета-етиленіміну, бета-пропіолактону, глутаральдегіду, озону та формальдегіду.

15. Композиція за п. 13, в якій пестивірус являє собою фізично інактивований пестивірус, який інактивований обробкою ультрафіолетовим випромінюванням, рентгенівським випромінюванням, гамма-випромінюванням, вітаюванням і/або нагріванням.

16. Композиція за п. 13, яка відрізняється тим, що пестивірус ослаблений шляхом модифікації генів Npro, Erns або N2-3.

17. Композиція за будь-яким із пп. 10-16, яка містить пестивірус у ліофілізованій формі.

18. Композиція за будь-яким із пп. 10-17, яка містить TCID₅₀ щонайменше приблизно 1×10⁴.

19. Фармацевтична композиція, яка містить композицію за будь-яким із пп. 10-18.

20. Вектор свинячого пестивірусу, який містить нуклеотидну послідовність SEQ ID NO: 2 або послідовність, що має щонайменше 60 %, зокрема щонайменше 70 % ідентичності з нею, і послідовність, що кодує гетерологічну послідовність.

21. Вектор за п. 20, який відрізняється тим, що гетерологічна послідовність вибрана з вірусу, вибраного з групи, що складається з APPV, NRPV, свинячого цирковірусу 2 (PCV2), вірусу Bunyomavirus, вірусу вірусної діареї великої рогатої худоби (BVDV), зокрема BVDV-1, BVDV-2, вірусу класичної чуми свиней (CSFV), RaPV і вірусу примежевої хвороби, причому зокрема, зазначена гетерологічна послідовність кодує поверхневий антиген із зазначених вірусів.

22. Вектор за будь-яким із пп. 20 або 21, який відрізняється тим, що гетерологічна послідовність вставлена в 5'- або 3'-кінець Npro.

23. Вектор за будь-яким із пп. 25 або 27, який відрізняється тим, що гетерологічна послідовність кодує злитий пептид з білком Npro, E2 або E1 пестивірусу.

24. Химерний пестивірус, який містить нуклеотидну послідовність, що має щонайменше 60 %, конкретно щонайменше 70 % ідентичності з SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2, і чужорідний поліпептид.

25. Вакцина для тварин, яка містить полінуклеотид за будь-яким із пп. 1-9, або композицію за будь-яким із пп. 10-18, або вектор за будь-яким із пп. 20-23, або химерний пестивірус за пунктом 24.

26. Набір для індукції імунної відповіді проти свинячої пестивірусної інфекції у свині, причому зазначений набір містить композицію за будь-яким із пп. 10-18 й інструкції з введення зазначеної композиції зазначеній свині.

27. Спосіб захисту поросят від захворювання, асоційованого з пестивірусом, у якому зазначений спосіб включає введення будь-якій супросій свиноматці, кнуру, відлученому поросяті або ремсвинці, або свиноматці або ремсвинці до розмноження композиції за будь-яким із пп. 10-18, в кількості, достатній для захисту поросят.

28. Спосіб за п. 27, який відрізняється тим, що захворювання являє собою вроджений тремор, конкретно вроджений тремор А-II.

29. Спосіб за п. 27 або 28, у якому композицію вводять парентерально, конкретно внутрішньом'язово, підшкірно, внутрішньошкірно або внутрішньовенно, з використанням голки та шприца або безголкового ін'єкційного пристрою; або шляхом введення через слизову оболонку, зокрема через ніс або через рот.

30. Спосіб виявлення пестивірусу, який відрізняється тим, що зразок тестують за допомогою ЗТ-ПЛР з використанням щонайменше одного з праймерів, вибраних із SEQ ID NO: 32 і SEQ ID NO: 33.

31. Діагностична тест-система для виявлення пестивірусу, яка містить щонайменше один із праймерів, вибраних із SEQ ID NO: 32 і SEQ ID NO: 33.

32. Спосіб виявлення антигену пестивірусу, що має амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 3 або амінокислотну послідовність з ідентичністю щонайменше 60 % з нею, у біологічному зразку, причому зазначений спосіб включає:

25 контактування біологічного зразка з антитілом моноклонального антитіла 6A5, причому зазначене моноклональне антитіло специфічно зв'язується з антигеном зазначеного пестивірусу, якщо він присутній у зазначеному зразку; і виявлення зв'язування антитіла із зазначеним антигеном у зазначеному зразку.

33. Спосіб приготування вакцини за п. 32, який включає наступні послідовні етапи

30 а) Зараження культури клітин-хазяїнів полінуклеотидом за будь-яким із пп. 1-9, вектором за будь-яким із пп. 20-23 або химерним пестивірусом за пунктом 24,

б) Інкубація зазначеної культури клітин-хазяїнів для розмноження вірусу,

с) Збір культури клітин-хазяїнів і, необов'язково

35 д) Виділення вірусу з культури та

е) Змішування культури з фармацевтично прийнятним носієм.

34. Застосування полінуклеотиду за будь-яким із пп. 1-9, або композиції за будь-яким із пп. 10-18, або вектора за будь-яким із пп. 20-23, або химерного пестивірусу за пунктом 24 або будь-якої їх комбінації для приготування вакцини для тварин.

40 35. Полінуклеотид за будь-яким із пп. 1-8, або композиція за будь-яким із пп. 10-18, або вектор за будь-яким із пп. 20-23, або химерний пестивірус за п. 24 або будь-яка їх комбінація для використання у вакцинах для тварин.

36. Спосіб боротьби з пестивірусною інфекцією у тварин, при якому вакцину за п. 25 комбінують з діагностичним набором за п. 26.

Даний винахід далі проілюстрований наступними прикладами, не будучи обмеженим ними.

45 ПРИКЛАДИ

Приклад 1:

На австрійській фермі з виробництва поросят зафіксований спалах важкої повторюваної міоклонії у новонароджених поросят. Гістологічне дослідження центральної нервової системи (ЦНС) уражених поросят виявило гіпомієлінізацію білої речовини в мозочку та спинному мозку. Під час пошуку геномів атипового свинячого пестивірусу (APPV) в уражених поросят був виявлений раніше невідомий штам пестивірусу, умовно названий "вірус LINDA". Цей вірус був виділений зі зразків сироватки і його можна було легко розмножувати в культивованих свинячих клітинах. Повну геномну послідовність визначали, використовуючи ходьбу праймера разом із секвенуванням Сенгера та ПЛР-БАКК. Парне вирівнювання послідовностей LINDA з іншими відомими видами пестивірусів і некласифікованими штамми виявило нуклеотидну ідентичність менше 68 % й амінокислотну ідентичність менше 70 % у порівнянні з його найближчим родичем, вірусом Bungowannah. У широкій панелі з більше ніж ста моноклональних антитіл, отриманих проти вірусів пестивірусу BVDV-1, BVDV-2, CSFV і вірусу Bungowannah, було ідентифіковане одне специфічне для E2 антитіло, що реагує на вірус LINDA. Використовуючи це E2-специфічне антитіло, була підтверджена присутність LINDA в ЦНС уражених поросят в місці ураження.

Підводячи підсумок, тут описаний передбачуваний новий вид пестивірусів, який викликає вроджений тремор в одомашнених європейських свиней, що явно відрізняється від недавно виявлених APPV.

Тут повідомляється про відкриття та молекулярну характеристику нового штаму свинячого пестивірусу, який умовно названий "LINDA" та не є родинним APPV. Цей вірус був виявлений на австрійській свинофермі, що зафіксувала значні втрати через синдром "тремору поросят". Плин захворювання був подібним з недавніми спалахами APPV в Австрії (Schwarz et al., 2016, вище), але клінічні ознаки та патологічні ураження були більше вираженими. Гістопатологічні дослідження показали, що важкі клінічні ознаки були пов'язані з явною гіпомієлінізацією у мозочку та спинному мозку. Пестивірус LINDA був виділений зі зразків сироваток і тканин уражених поросят і розмножений до високих титрів на лініях свинячих клітин. Інфіковані культури тканини використовували для виявлення моноклональних антитіл (mAb), реактивних проти вірусу LINDA. При використанні цих mAb експресія білка вірусу LINDA була виявлена імуногістохімією в місці ураження центральної нервової системи (ЦНС). Повну геномну послідовність штаму LINDA визначали за допомогою ЗТ-ПЛР, підтвердивши приналежність вірусу LINDA до роду пестивірусів. Філогенетичний аналіз показав, що вірус LINDA найбільше близько родинний вірусу Bungowannah. Проте, дивергенція, яку спостерігали між вірусом LINDA та вірусом Bungowannah, була вище, ніж між затвердженими пестивірусними видами BDV, BVDV і CSFV. Тому штам LINDA запропонований в якості нового виду в рамках роду Pestivirus.

2. Матеріали й методи

2.1. Збір зразків

Усі протоколи використання тварин, що застосовані в цьому дослідженні, були схвалені інституціональним комітетом з етики та добробуту тварин і національним органом, згідно з яким в дослідження не були включені зникаючі або охоронювані види. Для збору зразків була використана винятково приватна територія, доступ на яку був отриманий тільки після дозволу власника. Зразки були отримані в 2015 році контрактним ветеринарним лікарем на невеликій австрійській фермі з виробництва поросят, яка повідомила про значні втрати поросят через ВТ. Ферма L не використовувала ніяких вакцин проти CSFV або інших пестивірусів відповідно до австрійського законодавства. Ветеринари Університетської клініки для свиней у Відні відвідали ферму L і зібрали додаткові зразки для діагностичної оцінки.

2.2. Опис ферми L

Ферма L – це місце з виробництва поросят, розташована в Штирії у південній частині Австрії. В цілому 25 кросбредних свиноматок велико-білих і ландрас утримуються у безперервних циклах опоросу. Порушені ВТ посліди зустрічалися винятково в ремсвинок і не спостерігалися у наступних послідах. Ремсвинки були отримані від виробника ремсвинок, який не повідомляв про проблеми з ВТ. Усі свинки були вакциновані проти парвовірусу та рожі (Parvovirus®, Merial SAS, Ліон, Франція) та поперемінно одержували фенбендазол (Panacur 4 %, Intervet, Vienna) й івермектин (Ivomec, Merial SAS, Ліон, Франція) для запобігання саркоптозу й інвазії круглих черв'яків. Ця отара не була інфікована PRRSV до та після появи ВТ.

2.3. Патологія

Повне розкриття було проведено на восьми поросятах ферми L, що походять з двох різних послідів. Були зіставлені результати шести клінічно уражених поросят і двох здорових однопослідників без симптомів. Поросята були умертвлені; було проведено макроскопічне патологічне дослідження та були взяті зразки. Для гістологічного дослідження зразки головного, спинного мозку й органів усіх поросят і здорових контрольних тварин з іншої ферми без проблем із ВТ фіксували в 10 % нейтральному забуференому формаліні. Формалінові фіксовані зразки мозку розрізали на коронарні зрізи товщиною 2-3 мм і заливали парафіновим воском. Зразки органів, а також коронарні та поздовжні зрізи шийного, грудного та поперекового відділів спинного мозку вирізали та заливали парафіновим воском. З усіх залитих органів вирізали зрізи товщиною 1,5 мкм й офарблювали гематоксиліном й еозином (HE). Крім того, зразки головного та спинного мозку офарблювали комбінацією люксолу міцного синього та HE (LFB-HE) для визначення ступеня мієлінізації. Імуногістохімічні дослідження з використанням первинного антитіла проти панпестивірусу E2 (mAb 6A5, розведення 1:1000) для виявлення LINDA виконували автоматично на автоматичному пристрої для офарбування (Lab Vision AS 360, Thermo Fisher Scientific, Уолтем, США). У короткому викладенні, 2-мкм зрізи мозку поросят і спинного мозку в парафіні поміщали на предметні стекла з покриттям і висушували для поліпшення зчеплення з тканиною. Витяг антигену проводили на депарафінізованих і регідратованих зрізах шляхом нагрівання у цитратному буфері (pH 6). Ендогенну пероксидазну активність блокували інкубацією в H₂O₂. Після нанесення первинного антитіла використовували систему виявлення полімеру (UltraVision LP Large Volume Detection System; Thermo Fisher

Scientific, Уолтем, США), що складається з композиції універсального вторинного антитіла, кон'югованого з полімером, міченим ферментом. Потім полімерний комплекс візуалізували за допомогою підходящого субстрату/хромогену (діамінобензидин [DAB]; Labvision/Thermo Fisher Scientific, Уолтем, США). Згодом усі зрізи контрастно офарблювали гематоксиліном, зневоднювали та монтували.

2.4. Виявлення геномів APPV

РНК цілком була витягнута з польових зразків сироватки або тканини з використанням набору QIAamp Viral RNA Mini Kit (Qiagen, Хільден, Німеччина) відповідно до інструкцій виробника. РНК елюювали в 60 мкл дистильованої очищеної від РНКаз води та негайно використовували для ЗТ-ПЛР або зберігали при -80°C для наступного аналізу. ЗТ-ПЛР проводили з використанням набору OneTaq One-Step ЗТ-ПЛР (NEB, Іпсвіч, США) або набору One Step ЗТ-ПЛР (Qiagen, Хільден, Німеччина) відповідно до інструкцій виробника. Протокол ЗТ-ПЛР для панпестивірусу був розроблений для виявлення атипичних пестивірусів з використанням олігонуклеотидів PPF (5'-GTKATHCAATACCCTGARGC-3", SEQ ID NO: 32) і PPR (5'-GGRTTCCAGGARTACATCA-3", SEQ ID NO: 33), температури відпалу 55°C і часу елонгації 1 хв.

2.5. Виділення та вирощування вірусу

Для виділення вірусу використовували 50 мкл сироватки або 50 мкл зразків гомогенізованої тканини хворих поросят з ураженої ферми L, щоб інокулювати 5×10^6 клітин SK-6 на шести-ямковому планшеті. Через три дні супернатант клітинної культури збирали, очищали центрифугуванням і пасерували на свіжих клітинах SK-6. Усі клітини вирощували в модифікованому за Дульбекко середовищі Ігла (DMEM) з додаванням 10 % ембріональної сироватки теляти (FCS Gold Plus, Bio & Sell, Фойхт, Німеччина) і при температурі 37°C і 5 % CO_2 . Інфікування та пасажі вірусу аналізували за допомогою ЗТ-ПЛР й імунофлуоресценції.

2.6. Моноклональні антитіла проти штаму LINDA

У попередніх дослідженнях були отримані моноклональні антитіла проти більшості білків CSFV і BVDV. Крім того, були отримані антитіла проти E2 і NS3 вірусу Bungowannah (неопубліковані дані). У короткому викладенні, мишей BALB/c імунізували рекомбінантними білками до тих пір, поки не спостерігалася сіркоконверсія. Одержували клітини селезінки та зливали їх з клітинами мієломи sp2/0-AG14 для створення гібридом, що виробляють моноклональні антитіла. Отримані mAb оцінювали з використанням ІФА, імуноблоту й імунофлуоресцентного аналізу залежно від необхідності. У кожному з цих експериментів зі злиття було зроблено до 100 різних реактивних моноклональних антитіл, з одержанням обширної колекції антитіл проти пестивірусних білків. Декілька E2-специфічних і NS3-специфічних панелей перехресно-реактивних антитіл були піддані скринінгу за допомогою непрямого імунофлуоресцентного аналізу з використанням культур клітин, інфікованих вірусом LINDA.

2.7. Визначення повної геномної послідовності

Декілька пар праймерів (доступні за запитом), які гібридизуються з висококонсервативними областями у різних видів пестивірусів (BVDV, BDV, CSFV, Bungowannah й APPV), були сконструйовані відповідно до опублікованих послідовностей, доступних в GenBank. Щоб визначити послідовність найбільше віддалених 5'- і 3'-кінців, проводили БАКК-ПЛР. Цілу РНК, очищену від інфікованих вірусом клітинних культур, лігували з двома різними адапторними олігонуклеотидами з використанням Р4-лігази Т4 (NEB, Іпсвіч, США). Нефосфорильований стандартний олігонуклеотид (AD1, 5'-GGCCACGCGTCGACTAGTAC-3'-ОН, SEQ ID NO: 34) використовували для 5'-БАКК, а фосфорильований олігонуклеотид, блокований на 3'-кінці аміногрупою, використовували для 3'-БАКК (AD2, PO3-5'-GGCCACGCGTCGACTAGTAC-3'-AmC3, SEQ ID NO: 35). Для генерації кДНК і наступної ПЛР-ампліфікації застосовували праймер, що гібридизується з послідовностями, специфічними для вірусу LINDA, й адаптерним праймером (AD1 або AD1rev) разом зі зворотною транскриптазою (Superscript II, Thermo Fisher Scientific) і високоточною Таq-полімеразою (One Taq, NEB). Другу ПЛР виконували з використанням адапторного олігонуклеотиду (AD1 або AD1rev) разом зі специфічним праймером для вкладки послідовності LINDA для ампліфікації шуканих 5'- і 3'-кінців. Амплікони ПЛР піддавали гель-електрофорезу, очищали за допомогою набору для екстракції гелю reqGOLD (PqLab, Erlangen, Germany) і секвенували за допомогою комерційного постачальника послуг (Eurofins Genomics, Еберсберг, Німеччина). Крім того, всі фрагменти кДНК LINDA субклонували у легкому векторі pGEM-T (Promega, Медісон, США) і повторно секвенували з плазміди для одержання високоякісних результатів секвенування. Послідовність штаму пестивірусу LINDA була представлена в GenBank і зазначена нижче як SEQ ID NO: 1. Перші аналізи були виконані з використанням основного інструмента пошуку локального

вирівнювання NCBI для нуклеотидів (BLASTn) і білків (BLASTp). Філогенетичне парне порівняння та розрахунки ідентичності були виконані за допомогою програмного забезпечення CLC Main Workbench 7.6 (CLCBIO, Орхус, Данія). Вирівнювання та філогенетичні дерева були створені за допомогою програмного забезпечення CLC Sequence Viewer 7.6 (CLCBIO, Орхус, Данія) з бутстреп-значеннями, заснованими на 1000 повторностях. Для конструювання філогенетичних дерев були використані послідовності інших видів пестивірусів, депонованих в GenBank, як зазначено вище.

3. Результати

3.1. Опис клінічних ознак у постраждалому господарстві L

У липні 2015 р. були виявлені перші ознаки ВТ у новонароджених поросят свиноматок, які вперше опоросилися: від 20 % до 100 % новонароджених поросят із цих послідів показали горизонтальний тремор усього тіла. Багато новонароджених поросят були нездатні смоктати молоко та помирали до відібрання. В окремих уражених поросят тремор згодом зникав, залишаючи відлучених поросят, що не викликають підозр. Спалах ВТ завершився у вересні 2015 року з останнім послідом ново-опоросившихся ремсвинок.

3.2. Патологія

При загальному обстеженні поросята з двох послідів, уражених ВТ, не мали уражень або мали лише незначні ураження. Були виявлені екскоріації ніг, альвеолярний набряк легенів й емфізема. У деяких поросят, уражених ВТ, були виявлені розсіяні петехії в нирковій корі та спинному мозку, які не були пов'язані з евтаназією. Спинний мозок уражених ВТ поросят виглядав злегка гіпотрофічним. При офарбуванні HE-LFB у всіх клінічно уражених тварин у білій речовині мозочка були присутні виражені вакуолі (n=6/6), у той час як у неуразжених тварин з того самого посліду була виявлена менша кількість вакуолей (Фіг. 1А, В). Гіпомієлінізація та гіпоплазія були очевидні у білій речовині мозочка та спинного мозку уражених поросят і неуразжених одноплідників у порівнянні зі здоровим контролем (Фіг. 1).

3.3. Виявлення вірусу LINDA

Для виявлення атипичних пестивірусів була розроблена ЗТ-ПЛР панпестивірусу, націлена на добре консервативний регіон NS5B, з використанням нового набору праймерів. Цей аналіз був успішно виконаний з використанням культур BVDV-1, BVDV-2, CSFV, BDV, вірусу Bungowannah і недавно виділених штамів APPV (Schwarz et al., 2016). Використовуючи цей ЗТ-ПЛР аналіз і клінічні зразки уражених ВТ поросят з ферми L, одержували амплікон відповідної довжини. Амплікон довжиною 815 п.н. секвенували з використанням праймера для ПЛР з одержанням невідомої послідовності з безперервною відкритою рамкою читування. Первісний пошук BLASTn призвів до результату "не виявлено значної схожості", але транслювана амінокислотна послідовність з 270 амінокислот показала вирівнювання з різними пестивірусами. Вирівнювання охоплювали вірус Bungowannah (YP_008992092.1, ідентичність 84 %, Е-значення 1e-154), CSFV (NP_777506.1, ідентичність 78 %, Е-значення 2e-153), BDV (NP_777545.1, ідентичність 77 %, Е-значення 9e-151) і BVDV-1 (1S4F_A, ідентичність 75 %, Е-значення 6e-150). Послідовність вірусної РНК була виявлена в клінічних зразках усіх поросят з послідів ВТ, досліджених на фермі L (сироватка, мигдалини, легені, печінка, селезінка та матеріал ЦНС), незалежно від ураження ВТ. Напроти, зразки сироватки маткових свиноматок з ферми L були негативні на наявність нуклеїнової кислоти штаму LINDA.

3.4. Геномна послідовність та філогенетичний аналіз генома.

Повний геном LINDA визначали з використанням стандартного підходу ЗТ-ПЛР з блукаючим праймером разом з БАКК-ПЛР для визначення найбільше віддалених 5'- і 3'-кінців. Для вірусу LINDA було визначено в цілому 12 614 нуклеотидів (нт), що представляють 381 нт із 5'-NTR, 461 нт із 3'-NTR і 11 772 нт із кодуєчої області (ОС). Ідентичність нуклеотидів між вірусом LINDA та його найближчим родичем, вірусом Bungowannah, була нижче 68,0 % з перекриттям вирівнювання послідовностей тільки 88 %. Були отримані тільки короткі відрізки дуже подібних нуклеотидних вирівнювань всередині консервативних генів з іншими пестивірусами, що перекривають менше 42 % їх генома. Отже, значення ідентичності між LINDA та BVDV-1, BVDV-2, BDV, APPV або CSFV були нижче 60 %. Очевидно, що відстань до вірусу Bungowannah, а також до класичних видів пестивірусів є значною. Філогенетичний аналіз генома вірусу LINDA, атипичних штамів пестивірусу та штамів пестивірусного типу показаний на Фігурі 2.

3.5. ОС-аналіз

ОС LINDA містить 3924 кодона; більше кодонів, ніж ОС будь-якого іншого відомого генома пестивірусу, за винятком штамів BVDV з вставками чужорідних генів. Порівняння амінокислотної послідовності LINDA з іншими пестивірусами, доступними в GenBank, дає ідентичність амінокислот 69 % з вірусом Bungowannah (YP_008992092.1), 53 % з BVDV-3 (BAO04453.1), 53 % з BDV (AHM88396.1), 53 % з CSFV (AGE89843.1), 52 % з BVDV-2

(CDH30717.1) і 52 % з BVDV-1 (AEW46241.1) з очікуваними значеннями 0,0 для кожного. Філогенетичний аналіз пестивірусних поліпротеїнів показаний на Фігурі 3. Усі гіпотетичні продукти переробки поліпротеїну вірусу LINDA найкраще відповідають зрілим білкам вірусу Bungowannah. Показник ідентичності вірусу Bungowannah був визначений як 63 % для Npro (AA1-182), 83 % для ядра (AA183-283), 74 % для Erns (AA284-504), 67 % для E1 (AA505-702), 53 % для E2 (AA703-1077), 59 % для P7 (AA1078-1152), 63 % для NS2 (AA1153-1608), 85 % для NS3 (AA1609-2291), 81 % для NS4A (AA2292-2354), 78 % для NS4B (AA2355-2701), 53 % для NS5A (AA2702-3205) і 73 % для NS5B (AA3206-3923). Сайти розщеплення сигнального пептиду були анотовані за аналогією з експериментально визначеними границями білка класичних пестивірусів і підтверджені з використанням пророкування *in silico*. На відміну від інших пестивірусів, NS3-опосередковане розщеплення між неструктурними білками NS4A і NS4B походить в лейцин/сериновому сайті вірусу LINDA, так само, як у вірусі Bungowannah. У вірусі LINDA є присутнім специфічний внутрішньомолекулярний лейцин/аланіновий сайт розщеплення (L1834/A1835) в NS3, що розділяє домени протеази та гелікази.

3.6. Аналіз вірусу LINDA E2

Оболонковий білок E2 пестивірусу утворює гомодимери та гетеродимери E1-E2 на поверхні вірусу, які забезпечують прикріплення та проникнення в клітини-хазяїни за допомогою ендцитозу, опосередкованого рецептором. У видужуючих хазяїнів розвивається антитільна відповідь проти білка E2, яка має вирішальне значення для нейтралізації вірусу. Білок E2 відповідає за тропізм до хазяїна, специфічний для пестивірусів, і демонструє найбільшу різноманітність серед усіх пестивірусних білків. Вірус LINDA E2 був на 53 % ідентичний вірусу Bungowannah E2 (Фіг. 4). Усі білки E2, за винятком більше короткого щурячого пестивірусу й APPV E2 тільки з 241-244 амінокислотами, мають порівнянну довжину (373-378 AA) та мають трьоходоменну структуру. APPV і пестивірус кажанів E2 містять 8 цистеїнів, CSFV E2 15 цистеїнів, вірус LINDA E2 – 16 цистеїнів, BVDV-1, BVDV-2, BVDV-3, пестивірус овець, північних оленів, жирафів, пацюків і BDV E2 – 17 цистеїнів, пестивірус вилорога E2 – 18 цистеїнів і вірус Bungowannah – 19 цистеїнів. До восьми внутрішньомолекулярних дисульфідних зв'язків утворюють структурні одиниці білкових доменів E2, а вільні цистеїни забезпечують міжмолекулярну димеризацію гомодимерів E2-E2 або гетеродимерів E1-E2. Типові положення цистеїну консервативні у вірусі LINDA і, за аналогією з BVDV, цистеїн в E2 вірусу LINDA у положенні 296 опосередковує утворення гетеродимера. N-зчеплене глікозилювання (NLG), додавання олігосахаридів до залишків аспарагіну, потребує розпізнавання мотиву консенсусної послідовності Asn-X-Ser/Thr. Пестивірусний E2 містить три сайти NLG у випадку пестивірусу вилорога, чотири сайти NLG у випадку BVDV-1, BVDV-2, пестивірусу пацюка, пестивірусу жирафа та вірусу Bungowannah, п'ять сайтів NLG у BDV, APPV й овечому пестивірусі, але до шести сайтів NLG у випадку CSFV, BVDV-3, пестивірусу північних оленів і пестивірусу кажанів. Важке глікозилювання викликає збільшення молекулярної маси за рахунок приєднання гліканів і маскування поверхонь імуногенних білків. На відміну від усіх відомих видів пестивірусів, послідовність пестивірусу LINDA включає тільки два потенційні сайти NLG. Пестивірус LINDA E2 демонструє деяку подібність послідовності з молекулами E2 класичних пестивірусів, але має відмінні риси.

3.6. Виділення та розмноження штаму LINDA

Доступність аналізу із застосуванням ЗТ-ПЛР дозволила виявити зараження культивованих клітин вірусом LINDA. Після первісної інюкуляції клітин SK-6 сироваткою поросяти, ураженого BT, і пасажу супернатанту клітинної культури, за допомогою ЗТ-ПЛР було показане успішне виділення вірусу LINDA. Зараження клітин вірусом LINDA SK-6 або PK-15 не призвело до явного цитопатичного ефекту. З використанням відомих серологічних реагентів й імуофлуоресценції була продемонстрована присутність антигену LINDA в клітинах SK-6, PK-15 і MDBK після зараження. Досить високі інфекційні титри LINDA були виміряні в супернатанті інфікованих культур свинячих клітин ($> 10^7$ TCID₅₀ на мл, Фігура 5). Крім того, тест із вимірюванням розміру осередка з використанням ліній клітин свині та бика виявив приблизно в 10 разів більші антиген-позитивні осередки в клітинах SK-6, ніж в клітинах MDBK (Фіг. 5B).

3.7. Серологічні реагенти проти штаму LINDA

Панелі імуофлуоресцентно позитивних пестивірус-специфічних mAb, які були створені у більше ранніх дослідженнях, піддавали скринінгу на реактивність проти культур клітин, інфікованих вірусом LINDA. Сильну реактивність відносно клітин, інфікованих вірусом LINDA, спостерігали при використанні E2-специфічного антитіла 6A5, створеного проти BVDV E2 (Фіг. 6). Імуофлуоресценція цього антитіла давала цитоплазматичний сигнал з домінантним офарбуванням мембран ендоплазматичного ретикулу. Це характерне офарбування також було задокументовано для гомологічних білків інших пестивірусів.

4. Обговорення

У ході дослідження типових випадків ВТ на наявність APPV свиняча ферма L виділялася на фоні інших, оскільки APPV не були виявлені за допомогою системи аналізу з використанням ЗТ-ПЛР на основі зонда TaqMan (Schwarz et al., 2016). Це було дивно, тому що клінічні спостереження були очевидні, а ураження спинного мозку та мозочка інфікованих тварин були виражені.

Був розроблений новий ЗТ-ПЛР аналіз панпестивірусу для забезпечення виявлення APPV, BDV, BVDV-1 і BVDV-2, описаних раніше. Аналіз послідовності ампліконів шести поросят, уражених ВТ, з ферми L виявив послідовність невідомого дотепер пестивірусу. Подальший аналіз зібраного генома дозволив однозначно віднести вірус LINDA до роду Pestivirus, як відносно присутності специфічних для пестивірусу генів (Npro й Erns), так і відносно гомології послідовностей з іншими пестивірусами в консервативних геномних областях (NS3 і NS5B). Загальна нуклеотидна ідентичність між вірусом LINDA та найбільше близькоспорідненим відомим пестивірусом (вірусом Bungowannah) нижче 68,0 %, що вказує на те, що вірус LINDA представляє новий вид пестивірусу. Виявлення того, що пестивірус LINDA, швидше за все, має спільного предка з вірусом Bungowannah, є досить цікавим. Після опису близько 10 років тому вірусу Bungowannah його інтенсивно шукали по всьому світу, але він ніколи не був виявлений за межами Австралії. Інша примітна особливість LINDA явно відрізняє його від APPV. APPV практично не заражає культивовані клітини, і його виділення є складним завданням. Пестивірус LINDA легко піддається розмноженню на клітинах SK-6 або PK-15 до високих титрів ($> 10^7$) без необхідності адаптації, аналогічно ситуації, описаної для вірусу Bungowannah і CSFV. Варто згадати той факт, що, хоча клітини MDBK були пермісивними для LINDA, їх ріст був значно слабкіше у порівнянні з клітинними лініями свині. Це говорить про те, що пестивірус LINDA є дійсним свинячим патогеном.

Згідно з ICTV, класифікація пестивірусів в основному базується на діапазоні хазяїнів, гомології послідовностей та захворюванні. Природний хазяїн CSFV – свині, природний хазяїн BDV – вівці, природний хазяїн BVDV – велика рогата худоба, і декілька атипових штамів пестивірусів знайшли свою екологічну нішу в різних видах диких тварин. Проте, більшість видів пестивірусів здатні адаптуватися до нових видів-хазяїнів серед парнокопитних і демонструють широкий спектр хазяїнів після лабораторного інфікування. На додаток до затверджених видів, були описані три групи атипових пестивірусів, і класифіковані по відношенню до природних хазяїнів. Група 1 включає всі пестивіруси бичачого походження. Група 2 включає пестивіруси не бичачого та не вівцевого походження, що охоплюють патогенні мікроорганізми диких тварин, такі як вірус вилорога, а також патогенні мікроорганізми свиней, такі як вірус Bungowannah. Група 3 включає в себе ізоляти овець, також називані туніськими пестивірусами. Відкриття вірусу Bungowannah, APPV й опис вірусу LINDA потребує створення групи 4 в якості "групи свинячих пестивірусів". При розгляді цих категорій, включення встановлених видів представляється логічним.

Видова приналежність або розмежування, засновані на генетичних відношеннях між різними штамми, залежать від визначення типових штамів. Типові штами існують для класичних пестивірусів (BVDV-1, штам NADL; BVDV-2, штам 890; BDV, штам X818; CSFV, штам A187), але відсутні для передбачуваних видів атипових пестивірусів. Дивергенція нуклеотидної послідовності між повними геномами встановлених пестивірусних видів і додатковими передбачуваними видами (пестивірус жирафа, вірус вилорога, BVDV-3, вівцевий пестивірус, щурячий пестивірус, вірус Bungowannah й APPV) перевищує 25 %, забезпечуючи тим самим надійний мінімальний поріг (25 %) для приналежності або розмежування нових штамів. У практичному підході до відкриття APPV було запропоновано в цілому дев'ять видів пестивірусів (BVDV-1, BVDV-2, BVDV-3, пестивірус жирафа, CSFV, BDV, вівцевий пестивірус, пестивірус антилопи і пестивірус Bungowannah). Як наслідок дисперсії послідовностей, між різними видами пестивірусів спостерігається виражена антигенна дисперсія. Оскільки сироватки видужуючих тварин демонструють набагато більше високий титр нейтралізації проти пестивірусних штамів з гомологічних видів, ніж проти пестивірусних штамів з гетерологічних видів, споріднення видів також може бути згруповане за серотипами з урахуванням перехресної реактивності імунних сироваток. У випадку вірусу LINDA сироватку встановлених видужуючих тварин не вдалося одержати на фермі L, і, тому, тести на нейтралізацію між видами не могли бути виконані. Необхідні контрольовані лабораторні дослідження інфекції, щоб відповісти на запитання, чи зможуть імунні сироватки від тварин, інфікованих вірусом LINDA, нейтралізувати інші види пестивірусів. Планується з'ясувати, чи виявляють наявні системи ІФА для діагностики CSFV і BVDV інтерференцію з інфекціями вірусу LINDA. Набір мишачих моноклональних антитіл був протестований проти різних пестивірусних білків різних видів – крім BDV – і показав, що

більшість відомих реагентів не реагують на вірус LINDA. Навіть панпестивірус-специфічні IgG, такі як mAb 8.12.7, яке реагує на CSFV, BVDV-1, BVDV-2 і BDV, не змогли виявити клітини, інфіковані вірусом LINDA (дані не показані). Цікаво, що жодне зі специфічних для Bungowannah mAb перехресно не реагувало з вірусом LINDA. Ці дослідження показали, що вірус LINDA демонструє значну антигенну відмінність з установленими видами пестивірусів і вірусом Bungowannah.

Вірус LINDA був виявлений ретроспективно на єдиній фермі, яка показала відсутність вірусів через декілька місяців після зникнення клінічних ознак. На відміну від найбільше легкої форми ВТ у поросят, уражених APPV, у яких з віком дефекти центральної нервової системи проходять, клінічні ознаки, асоційовані з вірусом LINDA, були важкими у більшості поросят і часто призводили до смерті. Переконливі докази того, що вірус LINDA є збудником ушкодження ЦНС і гіпомієлінізації, отримані завдяки явному виявленню вірусу LINDA E2 в осередках періаксального простору. В даний час не виявлено жодного зв'язку з іншими формами захворювань у свиней, тому для оцінки патогенності та вірулентності нового вірусу необхідні експериментальні зараження. Можливість вирощування вірусу LINDA дозволяє перевірити постулати Коха та визначити патогенез у контрольованих випробуваннях на тваринах. Оскільки джерело проникнення вірусу LINDA у дану череду можна тільки припускати, необхідна подальша робота з поширеності й епідеміології вірусу LINDA в Австрії.

Приклад 2:

Випробування вірусу LINDA на тваринах

Було проведено дослідження на тваринах для вивчення патогенезу та виділення вірусу LINDA. Тримали 21 відлучених поросят (*Sus scrofa domestica*, 12 тижнів) у відділі біологічної безпеки (BSL2) у трьох різних групах. Через один тиждень 5 тварин інтраназально, а 5 тварин – внутрішньом'язово інфікували 1×10^7 50 % тканинними інфекційними дозами (TCID₅₀) вірусу LINDA. Ще одну групу з 5 тварин заражали імітацією та використовували в якості окремого контролю, у той час як 3 індикаторних тварини включали в групи зараження наступного дня після зараження. Стан здоров'я всіх тварин оцінювали щодня та вимірювали масу тіла. Віремію та виділення вірусу оцінювали в день 0 (день зараження), через 3, 5, 7, 14, 21 і 28 днів після зараження, аналізуючи зразки сироватки, мазки з носа та рота та фекальні зразки. Випробування на тваринах показало наступне:

1. LINDA має низьку патогенність для відлучених поросят (немає явної лихоманки, немає явної затримки росту, злегка знижене збільшення у вазі)

2. LINDA призводить до швидкої та надійної сіркоконверсії (нейтралізуючі антитіла виявляються в 10 із 10 інфікованих свиней – 5 інтраназально та 5 внутрішньом'язово – всі титри СНТ > 1:256) навіть після природних шляхів зараження (титр СНТ > 1:100 у зараженої індикаторної тварини)

3. LINDA є заразним патогеном для свиней (1 із 6 індикаторних тварин заражена)

4. LINDA викликає короточасну віремію (інфекційний вірус спостерігається тільки у двох тварин із внутрішньом'язовим зараженням і в індикаторної тварини, в один момент часу випробування в кожного. Схема випробування: д3, д7, д14, д21, д28)

5. LINDA секретується через назально-носові рідини (виявлення вірусу за допомогою ЗТ-ПЛР у трьох заражених тварин в день 7 і/або день 14).

ПЕРЕЛІК ПОСЛІДОВНОСТЕЙ

<110> Ветеринарний університет Відня

<120> ВИДІЛЕННЯ НОВОГО ПЕСТИВІРУСУ, ЩО ВИКЛИКАЄ ВРОДЖЕНИЙ ТРЕМОР А

<130> VT004P

<160> 61

<170> PatentIn версія 3.5

<210> 1

<211> 12614

<212> ДНК

<213> Свинячий пестивірус

<400> 1

```
gtatagcagc agtagctcaa ggctgctata cgattggaca taccaaattc caattggtgt 60
tagggaccac ctagggtgaag gccgacgaca ggtagccatt cctgttagta ggacgaaccg 120
ttatggtgga ctggttgctc aggtgagcag gctgcaatgc gtaagtgggtg agtacaccac 180
agccgtcaaa ggtgccactg gtaaggatca cccactggcg atgccttggtg gacggggggcg 240
tgcccaacgc aatgttagcg gtggcggggg ctgccatcgt gaaagctagg tcttgatgga 300
cctgttgcc tgtacagtct gataggatgc cggcggatgc cctgtgacag ccagtataaa 360
```

gaatatccgt tgtgattgca catggagttt aaaatttca acaacacaaa gaaaaaaaaat 420
 aataatgagg aggaagctga ggggaacatg ttctggcgga tgtaccgaag acctccgcct 480
 ggttgctacg aaccaactta caacctaagt gggacaccta gcttcggacc catgcaccca 540
 ccactgagga aagggagtag attacgttta cccactgga gaggcatagc cacggttga 600
 5 tgtgagctta aaaacctgcc acgcaagggg gattgtacta agtgccacgc taaccaaca 660
 tctggcatct acctcaacct ggggtcgggtg ttataaaag attacgaggg ggaggtatac 720
 catagagtcc ccttgaaca ctgtgaggaa cagcagaggt gcaagtcgt caagcgtga 780
 gggagaatga ctgctagcga tggatcctg gtgggagtg tagtatgcag tgacgactgc 840
 gtgctgttg agagaagaag aggggaacac acagtgtga agtgggtaaa gaacctatc 900
 10 ggggcccac tctgggtaca gagctgctcc gacgagaagg gggccaaacc aaaaaacaag 960
 tctaaacaac aaaacgatcg aatggcaccg ggtaaaatgg tgacaaaacc taaggaagt 1020
 gaagctgac agaaaactag accgccagac gctacaattg tgggtgatgg acagaaatat 1080
 caagtaagga agaaagggaa ggcaaaacca aagacaccag atggcctgta ccacaataa 1140
 aacaagccgg aggcattag aaagaaatta gaaaaagcgc tactagcttg ggcagtcatt 1200
 15 gcaataatai tgattcagca gaccacagca acaatgtga cgcagtggaa ctgtgggac 1260
 gacaagaacg caacgatgt gactcagtg atgcatcaga gacaaatcaa gcgcagcctc 1320
 cacggcatct ggctgaaag aatctgcaaa ggggtcccag gtcactggc tactactat 1380
 gagctaaaac ggatagaggg gatgtggat gccagcgaaa aaactaattt tactgttg 1440
 aggtgcgaaa gacacgaatg gaacaaacat ggctgggtga actggtacaa tatagacccc 1500
 20 tgggtcgcca ttatgaacag gacccaagcc ctctatcta gtggccaaa ctttacagag 1560
 tgtccgtta catgtaggta tgacacagaa cagcagataa acatagtaac tcaagccgc 1620
 atgacaccaa cgatttaac aggtgtgaag aaggacgtaa acttctctt ctcaggggag 1680
 gtgaggactg ggcctgcaa ctatgaactg aagccagaag actaatgag gattctggac 1740
 cataccaact gcaaagatt cagctattc ggagaaggc tgggtgatga ttacacagaa 1800
 25 gccacggaaa aaattagatc tagtgggtac agggccctgt cgtggctgca agacaagcta 1860
 gagaaaacta agaagaaggt gtttgagct gaagcaacac catactgcaa tgtgacaagg 1920
 agggtttca acatcatata caccaacaac tgcacccccg ctggactgcc agataacacg 1980
 aggatagttg gccaggggac attgacatc agtgaaatgg aaaataaaaa actgttacc 2040
 aactggact accactggc agattcatg gtactgggt tagtggctt atccgactt 2100
 30 gcccagaaa ctgctagtag aatctatctg gtattgcaat actggctgcc tcaggcagag 2160
 gtgcatacat tggacacccc acttgacacc aacaagctga atctaacaag gaacaggcag 2220
 gttagtagtg tagtccctaa ttcaatatgg ttgggagggc agctgggtg cgtcaagcca 2280
 aggtgtggc cctactcagc agaaattaca acagtatta gcggactgac cactgtaacc 2340
 gacctagtgg tcaagaccat agaggaactg gtgagctgt ggacagaggc aacagcagta 2400
 35 gcctcttg cagccctgat aaagatctc agaggacaac caatacagc actagcatgg 2460
 ctcataataa tagggggagc ccagggtct gaatgcaact tgaactgca atacgctctg 2520
 gccgggaaca catcatgag cctactaggg ccaactgcct taaagactca atggtacca 2580
 gcggcagacg gggcaaaaa aacggatggg gtagtaactg tgatgcaaa caagggcatt 2640
 ttctgggtga ctctaggtg caaagaggc cctgtaagg acctggcaat caaccacccc 2700
 40 aggtcttat caaccagtgc ttggtcaag aaaatacag acccggcaga ccatccgact 2760
 gagacactga tgggcgaaaa ggaagggca tactctgcc ctgcggggc tacaccacta 2820
 ccaaaacca aggttccgt taaccaatc acaatacaag gttcggcgt ctccctaaca 2880
 tgcccaaaa actggcaagg tgacatagaa tgcaatctt taagcccaga cactagca 2940
 attgaaacca tataacctt cagaaaacat aagccataca aagaagaacc ctactgctg 3000
 45 tacactaagg tagtgacgg gtacttgcg aacgtgcacc tatgggggca tgatacatgt 3060
 gtggcaggag atataatcaa tggcagtaa gatgacagt tgaccaagt caaatggtgt 3120
 gggtagtagt tcaattcagc aactgacta cctgactacc caattggtta ctgcacgaag 3180
 cgaggacca attatctaat caggtacaag caggtgcct gtgaggtagg aggagtcgc 3240
 atcgggtcag gaaaagtaga gtgtaccat ggctccacga gagtaaaagt agaacaacc 3300
 50 agtaatgagt tgggtccgat gccctgcaag ccaatagtat attcatctca aggaccgcct 3360
 aatcaaaaaa cgtgtacatt caaatggagc tacacattaa acaacaagta ctacgagcca 3420
 agggatgaat tcttcaaca gtacataacc tcagggtgct atcagtattg gtttgacctg 3480
 acagcaaaa atcacgtgat ggattgggt acacgatact tccccattat agtttagca 3540
 ttactggggg gtgagcagt gctgtggat ctaattgct acgagttgct aatcactac 3600
 55 caagtggcg cagaccagaa cacattgtg caggccgaag cactagtat aggtaacatc 3660
 ctgatgaaa gagacctgga agtgatggt tgccttctg tctgatggt ctgataaga 3720
 agacagcagg ctagaagggc ttggccttg gtttccatt ggaatggaat gcacccgcc 3780
 caatcagcca tgcacacatt ggtgtacga ataggcatcg tgagagctga agagggacag 3840
 gtaactctg acagttctac gcaagcacac gtggtggcca ttgtgtgt tctaattac 3900
 60 cacacactaa aagaaggga ccttcacaca gctatgacat tactgttgac atttccata 3960

aagagcactg actatgtaga cacacattat tatgaaatac cgatgctctt cacagttatt 4020
 tcgttggtca ttccattta catattcaac atacacataa aaaccaagtg ggtagctctg 4080
 gtgctcagta tgggtggcat ggtcaccttt ataagggtcc ttggttgat caggaacata 4140
 caaataacac ccccttccat accactaaca tacatcagtc caaaaatatt gatcatagct 4200
 5 tacctgggtt ctctgactgt ctgggtgaat aacaacctag acctgccag ctacgtgatc 4260
 agggctggcc cgatactaata gtctactta actttatggg tggacatcct gatgtgcta 4320
 gttctactac ctgggtatga attgattaaa gtctattacc taaagaagaa gaaagacgac 4380
 atagaagact gcttccaata cagcgggata gccactcaag ggttatcccc gtacaatcag 4440
 gacttcgtgg acccaaaaaga ggggggtacac ttgatccct caaaaacaa gagcaatttc 4500
 10 acccgagccg catatctgac tatctgagg gccctagttc tcacagcttt cagcagcatt 4560
 tggagcctc taatcttagc cgaactgcta ttggaatcca ttattggac acacatcaaa 4620
 gttgcaaaag aagtggcggg atctacgagg ctataggta ggtttgtagc gccctgata 4680
 gaactaaatt gggttttga tgacaaggaa gcagcaagat acaaaaaatt cttgtttta 4740
 acctcaagag tgagagacct catggtaaaa cacaagggtc agaacgacac aatgaggcag 4800
 15 tggttgaag agacggaaat attcggctta caaaaagttg ccttggtggt cagagcacac 4860
 tctgtgacag cagacagcaa cagtatacta tgctcagtg gtgaggaaaa acagaacata 4920
 gaagccaaga gggatatgcc caagtgtgga aacagaggaa caggaaatcaa gtgcgggatg 4980
 acctggctg agttgaaga aaaatattac aaaaagatct atctagtga tggagacaat 5040
 acgcaagcat atgcagaga ggagagagga gaagtcacgt acacagctag gggcgcttc 5100
 20 ttctgagga acttacctat tctggccaca aaaaacaagt atatactgt aggtactta 5160
 ggtatggaat tacaagacct tgagtccatg ggttgatta tcaggggccc agctgtctgc 5220
 aaaaagatag tgcacatga acgctgcagg cccacctcc ctgataaact tatggcttc 5280
 ttgggtcga tgcaagagg cgtagtcccc cgggcaccaa ccgcttccc tgtatcata 5340
 ctgaaaatta aaaggggtt cgaaacgggg tggcatata cacacctgg agggatcagc 5400
 25 agcgtaatgc atgtaacagc aggtctggac atgtacgtca atgatccat gggtagaacc 5460
 aaggtgcagt gccaagagag aaacaagctg acagacgaat gtgagtatgg cattaaaact 5520
 gactcaggct gctctgaagg ggcacgctgc tatgtaataa atcccgaagc cgtcaacata 5580
 gcaggcacca gggcgctat ggtacacctc agaaaaacag gtccagaatt tacctgtgtg 5640
 acagcccaag gaacccagc ctctacaat ttgaggaatc taaagggtg gtcagggcta 5700
 30 ccaatattcg aggcagctac gggaagggtg gtaggcagag tgaagcagg caagaatgca 5760
 gaggatagtc caacaactat aatgtctggc acccaggcag ccaaaccgac agagtgtgac 5820
 ctggagtcg tcgtaaggaa gctggaaacc atgaacagag gggagtcaa gcaggtggtg 5880
 ctgcaactg gggcaggga gacaacagaa ctgccaagga agctaataga agccgtggg 5940
 cggcacaaga gggtttagt cctaattccc ctgagagcag cagcagaggg ggtttataac 6000
 35 tatatgagaa caaagcatcc aagcatagca tcaacctga gtagaggga cttaaaagaa 6060
 ggagacatgg caactggtat aacttatgcc tcatatggtt attttgtca aatggacatg 6120
 ccacggctag atgcagctat gaaggagtac aactacatat tctggacga atatcattgt 6180
 gcaacaccag agcaattggc tgtgatgca aaaaacaca ggtacagtgc tgacctaa 6240
 gtggtggcca tgacagctac cctgcaggc gctgtgtcaa aggtgggcca gaaattctcc 6300
 40 atagaagaag tgggtgtgcc agaggaatg aaagggaag acctaggcga ggattattg 6360
 gacatagccg gactaaaaat accaaaatcg gaactacaag ggaatgtctt aacgtttgt 6420
 ccgacaaaaa agttggcgtc agacactgct aagaaactaa ccaccaggg ctacaacgct 6480
 gggattact ttagtgtga agaccaagc tgcgtgcga ccataacatc aaaatccccg 6540
 tacatcataa tagccacaa tgcaatagag tcaggggtga cattaccaga cctagacaca 6600
 45 gtaattgaca caggatgaa gtgtgaaaag aggtgagaa tagagaacaa ggctccatc 6660
 ataataacag gcctaaaaag aatggccatc accacagggg agcaagccca gaggaaggga 6720
 agagtaggta gagtcaaacc agggagatac ctaagagggc ctgaaaatgc aggtggagag 6780
 agagattatc actatgacct gctgcaggca caacgttatg ggctccagga tgctatcaac 6840
 atcaccaaat cattcaggga gatgaactat gactgggcac tctatgagga agaccactg 6900
 50 agaataacac aattggaggt attaaatacc ctactcatat ccaaagatct gccaacagtc 6960
 acaagaatt tgatgaccag gaccacacac ccagaaccaa ttcaattagc ttacaatagc 7020
 atagaaaccc ccgtcccagt gctgtcccg aaagtgaagg gtggagaggt gaccgatgct 7080
 tatgagacct atgaactgat gatgtctcg aagctggata acgaccccc gatttatctg 7140
 tatgccacgg aagatgaaga ctagcagtg gacctctga acctgaaatg gcccgcagt 7200
 55 tcaacagcct cggccataga aacagaggac gccctcaaca agttatcggg gcttcggca 7260
 ggggaaacag cctgtctagt ggctctgcta ggttgggtcg gttacgaggc tctggtgaa 7320
 agacacatac caatagtac tgacatatat acaattgaag atgaaaaact tgaggacacc 7380
 acccactcc agtatcacc agatgaactg caaacaccg agacagtga gctgaaagac 7440
 ctgtcggcac acgaactgaa agaagccctg gaaagcggaa aaagtatat caagacgcc 7500
 60 ttgaattcg taaatcaca ggtgagaag ctccccgaca caaaaattta caagcaagtc 7560

caagagaagt caccgggtct ttagaaaaa ttttggcct atctgtcaga acacagtagt 7620
 gacataaaga aatatggatt gtgggggggc catacctctc tgtacaatag tatcaaagag 7680
 agattggggc acgaaactgc ctgcgttca ttgatcatca agtggatagc atttccagc 7740
 gaagggctgc ctggaatggt gaaacaagct gctgtagact tggtggtata ttatctgac 7800
 5 aacaaaccag atttcaaagg tgacaaagac acccaagatg atggaaggaa gtctgtagga 7860
 gccctgttcg tgcagctct ggccaattac acatttaaaa attttaataa gtcaacactt 7920
 gaaggcttag taatgccagc attgaactac ctaccatagc caggggctgc actaaaaata 7980
 ttgtgccta cttaaattaga gagcttagta atactgtcaa caaccatcta caggacctac 8040
 ctctccatta agaaaggctc tagtcaagga ctggctgggt tagcagttag ctcaggtagt 8100
 10 gaaattatga atcagaatcc aatatcagtg gccattgagg tggcattggg agtcggtgcc 8160
 atagctgcac acaatgcgat cgagagcagc gaggcaaaga ggacctgtt gatgaaggta 8220
 ttgtgaaaa actttctaga ccaggcagcg acagacgagc tggtaaaaga gaaccagaa 8280
 aaaataataa tggcagtatt tgaagcaatc gagacagcag gtaatccaat aaggctaata 8340
 taccacctat atgcatgtt ctacaaaggt tggaaagcct ccagatagc agataagaca 8400
 15 gcggggagga acatattcgt gctgacaata ttgagggtt tagaactgtt gggactagac 8460
 aaggattcca agtggaggga ttgagctca aattatttag tggatgcaat caggaaagctc 8520
 attgaaaaat tgactaaaa actcagaaac accaccaagt cattaatcaa atcctgtctg 8580
 ccagctccat tctcttcac gagattcaca agagacaaca gaattggatg gccacattta 8640
 aattttgatt attacgagat aaattgtgca tgtgggtacc ggaggagagt ggtaaaaaact 8700
 20 gtatcgacc cagtcacctg ggagactttg gaagaagaag gccctgagtt ctgctcaac 8760
 agggggacta acgcccctgc aaaccaaga gttgcaagtt attactcagc tggagagcca 8820
 gttctccagc tggtaaaaag agaggggggt ggcgaaatcc tggtaagggg ggtgacaatc 8880
 cagatgcatt atgaccacaa caagatactc gccactgaca actggcaagt gccattccag 8940
 gcagtacga agatatttac agattaccag ggcatagggt accaagaagc atatctggga 9000
 25 acccagccaa actacaaagc actggtgaag aggtcatccg tcacgattac aaaagaagcg 9060
 ctgaaattta taagatgcaa gaaagggatc gcgtatacga ccaatctaaa ctaaccac 9120
 atcaaaaagc tgggtcaggt gtgcagaatg aatgaattgc aagaaggcgt catacctgag 9180
 accttgatg gcgacacctg gattaactac atggcaatca tcgaagatgt gggggccaca 9240
 aaaccaagct tggagagaga gtcataccg aaaccatacg aggaggatcc cctcgaagcg 9300
 30 cccagtgtga tctgtgaac aggggacgtg gacatcaca aagtgggctt aaatcaacaa 9360
 tccagttcat caggaaccgt cttcaagta gtggagaaga tctatactaa actggtcaat 9420
 acaaatgtaa taaagatagg attcaaagaa ggcgttttc cgggaccac aaagaatgtg 9480
 aattcattga atgagcacat agaagataaa gacagtaaac catacatctt catatgctct 9540
 tccgacaaag caatgtccaa cagagtaaag actgcaagga acattaagaa actcaacaca 9600
 35 aattcggcaa tagtagcccg taatttgcc agggaaggga aattgatcat aatagtacta 9660
 ggagagaagt accatgagga catctacaaa catgctgact tcaaggggac ttctctgac 9720
 aggaaggcac tggaaagcct gtccaaggcc aagcctgtaa aaaagaacat gactaggaga 9780
 gaggctcaat atctgtgga aaagaagctt agtgaagaca tagaggtacc agaattggctg 9840
 ggatttgaat aacctatgtt ttggatgta accaaaagt gtgaaacata ccatctgtta 9900
 40 ggggatctaa atcactgtaa ggcacaagcg gaacaacttg gtccaaggc aaccactaca 9960
 ataaataaag tagggaagac gtataaatg aacctcagta catggtggga gagtgaaga 10020
 acccccatat tcagaccctt gttccaggaa ctgctgttac gctgcaggcc atgcactagg 10080
 gaggagtata agagctgcca tttgtaggg gctacacaat tggccggagg aaactggaaa 10140
 ccagtagccc ctgtgtgca cctaggaact ataccagcaa aaagagagaa atgcctgcca 10200
 45 tatgaagcat atatatcact taagaatatg gtggaaaacc taaaaataga gaatcctgga 10260
 gtgtgcaaga agaaacatca gtggctctta aataaaatta aaaaacaagg ggaattaggc 10320
 ttgaagaatc tcgtatctcc tgggagtga gggggatcac gtggttacag aaagaaagaa 10380
 ttcaacattt acaacaacaa gattacgagc acaatgctgg ctgtggggat caagccagag 10440
 aagtttccag tcgtcagagc tcaaacgtcc aagagagaat tccatcaagc aattagagag 10500
 50 aagattgata agctgcccac ccccagaat agggacctcc ataaggaact gaaagaaata 10560
 ttgactcgg tgtgcgtgt aaaagatttg aaacatacct acgaagaagt cagctgggat 10620
 gtactgacgg tggggatcaa caggaaagga gcagctggct atttcgaaaa gaagaatgtg 10680
 ggtgagataa tagacactga caggagaggg gtcgagaaac ttatcaaggt aatgaaaacc 10740
 gggggacctt tagactacta tgagacagca atacctaga atgagaagag agcagttgta 10800
 55 gatgactggc tggaaaggaga ttctgttga gagaaaaagc cagagtgat ccaataccca 10860
 gaagcaaaaa tgcgtttggc aataaccaa gttatgtaca attgggtcaa gcaaaaacca 10920
 gtggtgatac ccgggtacga ggggaagaca cctttgtta aagtgtttga taaggtttt 10980
 gatgaatgga aacaactgag agaccgggt gacgtcagtt tcgacactaa agcatgggat 11040
 acacaagtga cacctgagga cttaaatgt atatcgaaa tccaaaagta ttactttaa 11100
 60 ccaaaatacc acaaatatt tgaacattg actgcggaga tgaagaagt gccagtcgtg 11160

tgccaggatg gggagggtta catcaggcta ggacagagag gaagtggcca gccagatacc 11220
 agtgcaggaa atagcatgtt gaattgttg acaatgatat atgcttttg caaatccaat 11280
 gacatcccg acaaggcatt ccgaaggggtg gcaaaaatac acgtctgttg cgacgatggg 11340
 ttctaatta cagagaggcg cctaggagag aactttgctg cgatggggcc acaaatactg 11400
 5 atggaagccg ggaaaccaca gaaactggta ggagagatgg gactgaagct agcctacaag 11460
 ttccaggaca tagagtctg ctcccacacg cctatataag taagggtggga tgacaacaca 11520
 actagtatt taccaggcag agacacggca accatcttag caaagatgtg taccaggctg 11580
 gactccgcag gggagcgggg taccagttcc tatgaacttg ctgtgtgtt tagtttctc 11640
 ctaatgtact cctggaaccc aatagttaga aggatctgcc tattagtat ggcaacaatc 11700
 10 ggagtaaaag acccagataa atcaggaaca atattcacct tctctggaga cccactaggg 11760
 gcgtacaagg aagtaatagg acaccgattg ggccaactaa acaaaactga attttcaaaa 11820
 ttggcaagtt gcaatttatc aatgtcactg ttagggattt acagtaggca cacctcaaaa 11880
 agaatcatag aggactgtgt gaagattgga accctaaacc gacagagccc cgtgaatgca 11940
 gatcgttga tagcaagaa gactggttt gtatacgaac cgtcaagggg cagtgttagg 12000
 15 gtgggaaaac actatgaaga attggaattg gacaaatgga aaaagaagac gccactata 12060
 gaaggggccc aaaggtacat tccaggcccg attagacct ttatactgaa aagactcaaa 12120
 gtgttacaga tgataggcct gaaattctc taatatatag ggagtacagg ttacagctgt 12180
 gtttcacaga aagtgggtgg cgacacttac ctctggagcc aactgtaaa taggttagta 12240
 atatttatt aatagacgtt atttactat ttatttatt atttgattat ttattaatta 12300
 20 tttaaaaacg ctactgcatg agctggtag ttagcttatg aaagtgggtt gtgtcactg 12360
 cgtcaggagc aaatacctca ataacaacgc taccacatag cctgagacca gttgtgaaa 12420
 gagagtgcg cctctgcgt tgggagctat ctacctcaag taccagctg ctgaagctgg 12480
 ttacctaat tcaatggat gaccgtagcc attggtctta ttaattcggc catttataat 12540
 tagcacttta aagctaattg ggacataaag taaggacgtc ctaggaggga ctacttacag 12600
 25 ttcaagagg cccc 12614
 <210> 2
 <211> 12614
 <212> РНК
 <213> Свиный пестivirus
 30 <400> 2
 guauagcagc aguagcucaa ggcugcuaua cgauuggaca uaccaaaauu caauuggugu 60
 uagggaccac cuagguaga ggcgacgaca gguagccauu ccuguuagua ggacgaaccg 120
 uuauugguga cuuguugcuc agguagcag gcugcaaugc guagugguu aguacaccac 180
 35 agccgucaaa ggugccacug guaggauga cccacuggcg augccuugug gacggggcg 240
 ugcccaacgc aauuuagcg guggcggggg cuccaucgu gaaagcuagg ucuugaugga 300
 ccuuguugcc uguacagucu guaggaugc cggcggaugc ccugugacag ccaguuauaa 360
 gaauauccgu ugugauugca cauggaguuu aaaaauucua acaacacaaa gaaaaaaa 420
 aauaauagg aggaagcuga ggggaacau uucuggcgga uguaccgaag accuccgccc 480
 ggugcuacg aaccaacua caaccuaagu gggacaccua gcuucggacc caugcacc 540
 40 ccacugagga aaggguagc auuacguuuu cccacugga gaggcauagc cacgguugga 600
 ugugagcuua aaaaccugcc acgcaagggu gauuguacua agugccacgc uaccacaaca 660
 ucuggcacu accucaaccu gggugcgguu uuuuauaaag auuacgaggg ggagguauac 720
 cauagagucc cccuugaaca cuugaggaag cagcagaggu gcgaagucgu caagcgugua 780
 gggagaaua cuugcagcga uggaucuuu gugggagugc uaguaugcag uagcagucg 840
 45 gugcuguuu agagaagaag aggggaacac acaguguuga aguggguaaa gaaccuauac 900
 ggggcgccac ucugguuaca gacugcucc gacgagaagg gggccaaacc aaaaaacaag 960
 ucuaaacaac aaaaacgucg aauggcaccg gguaaaaugg ugacaaaacc uaaggaagug 1020
 gaagcugauc agaaaacuag accgccagac gcuacaauug ugguggaugg acagaaauau 1080
 caaguaagga agaaaggga ggcaaaacca aagacaccag auggccugua ccacaauaaa 1140
 50 aacaagccg aggcacuaug aaagaaauua gaaaagcgc uacuagcuug ggcagucuu 1200
 gcaauauau ugauucagca gaccacagca aacaauuga cgcaguggaa cuugugggac 1260
 gacaagaacg caacagaugu gcacucagug augcaucaga gacaaaucaa gcgcagccuc 1320
 cacggcaucu ggccugaaag aaucugcaa gggguccag gucaucuggc uacugacuau 1380
 gagcuaaaac ggauagaggg gauuuggau gccagcgaaa aaacuaauuu uaccuguugc 1440
 55 aggcugcaaa gacacgaug gaacaaacu ggcugguuga acugguacaa uauagacccc 1500
 uggugcgcca uuugaacag gacccaagcc cuucuaucua guggccaaaa cuuacagag 1560
 ugugccguua caugagguua ugacacagaa cagcagauaa acuaugaaac ucaagccgc 1620
 augacacca cgaauuuuac aggguguaag aaggacguaa acuuucuuu cucaggggag 1680
 gugaggacug ggccuugca cuugaacug aagccagaag acuuuauug gauucuggac 1740
 60 cauaccaacu gcaagauuu cagcuauuuc ggagaagguc ugguggauga uuucacagaa 1800

gccacggaaa aaauuagauc uaguggguac agggcccgugu cguggcugca agacaagcua 1860
 gagaaaacua agaagaaggu guuuggagcu gaagcaacac cauacugcaa ugugacaagg 1920
 aggguuuuca acaucauaua caccaacaac ugcacccccg cuggacugcc agauaacacg 1980
 5 aggauaguug ggccagggac auuugacauc agugaaaugg aaaauaaaaa acuguuaccc 2040
 aacuuggacu accacuuggc agauuucaug guacugggcu uaguggcuuu auccgacuuu 2100
 gccccagaaa cugcuaguac aaucuaucug guauugcacu acuggcugcc ucaggcagag 2160
 gugcauacau uggacacccc acuugacacc aacaagcuga aucuaacaag gaacaggcag 2220
 guuaguagug uaguccuuaa uucaauaugg uugggagggc agcuggugug cgucaagcca 2280
 agguuggugc ccuacucagc agaaauuaca acagugauua gcgacugac cacuguaacc 2340
 10 gaccuagugg ucaagaccu agaggaacuu gugagcuugu ggacagaggc aacagcagua 2400
 gccuucugg cagcccugau aaagaucuu agaggacaac caauacaagc acuagcaugg 2460
 cucauaaua uagggggagc ccaggguuuu gaaugcaacu ucgaacugca auacgcucug 2520
 gccgggaaca cauccaugag ccuacuaggg ccaacugccu uaaagacuca augguacca 2580
 gcggcagacg gggucaaaau aacggauggg guaguaacug ugauaugcaa caagggaau 2640
 15 uucucgguga cuccuagug caaagaggca ccuguaaggu accuggcau caaccaccc 2700
 agguccuuu caaccagugc uugguucag aaaaacacg accggcaga ccauccgacu 2760
 gagacacuga ugggcgaaaa gggaagggca uaccucugcc cuugcggggc uacaccacua 2820
 ccaaaaccca agguuccguu uaaccacau acauacaag guucggcggu cuccuaaca 2880
 ugcccaaaaa acuggcaagg ugacauagaa ugcauucucu uaagcccaga cacacuagca 2940
 20 auugaaacca uauacacuu cagaaaacau aagccauaca aagaagaacc cuacugcug 3000
 uacacuaagg uaguggacg guacuugcg aacgugcacc uaugggggca ugauacaugu 3060
 guggcaggag auauaauca uggcagucua gaugacagug ugaccaagug caauggugu 3120
 gguuagugu ucaauucagc aacugacuua ccugacuacc caauugguuu cugcacgaag 3180
 cgaggacca auuaucaau cagguacaag caggugccu gugagguagg aggaguccg 3240
 25 aucgggucag gaaaaguaga guguaacuu ggcuccacga gaguaaaugu agaacaac 3300
 aguaaugugu ugggucggu gccugcaag ccauaguu auucaucua aggaccgcu 3360
 aaucacaaa cguguacuu caauggagc uacacuuua acaacaagua cuacgagcca 3420
 agggauagau ucuucaaca guacauaacc ucaggugcu aucaguauug guuugaccug 3480
 acagcaaaag aucacugau ggauugggu acacgauacu ucccauuu aguuguagca 3540
 30 uuacugggg guagagcagu gcuguggauc cuauuugcu acgaguugcu aaucacua 3600
 caagugggag cagaccagaa cacauugcug caggccgaag cacuagugau agguaacau 3660
 cugaugaca gagaccugga agugauggug ugcuuucugu ugcugauggu cuugauaaga 3720
 agacagcagg cuagaaggc uuuggccuug guuuuccau ggauugguau gcauccgcc 3780
 caucagcca ucgaacau gguguacua auaggcauc ugagagcuga agagggacag 3840
 35 guuaacucug acaguucua gcaagcacac gugguggcca uuuguuguu ucuaauuac 3900
 cacacuaa aagaaggga ccuucacaca gcuaugacu uacuguugac auuuuccau 3960
 aagagcacu acuauguaga cacacuuu uaugaaauac cgaugcucu cacaguauu 4020
 ugcugguca uuuccauuu cauaaucaac auacacuaa aaaccaagug gguagcucug 4080
 ggcucagua uggugggcu ggucacuuu aaaggugc uuugguugau caggaacau 4140
 40 caaauaacac cccuuccau accacuaa uacauaguc caaaaauuu gaucauagcu 4200
 uaccugguuu cucugacugu cuuggugaau aacaaccuag accucgccag cuacugauc 4260
 agggcuggcc cgauacuaa guccuacua acuuuauugg uggacauccu gauguugcu 4320
 guucuauc cuugguaua auugauuaa gucuuuuacc uaaagaaga gaaagacg 4380
 auagaagacu gcuuccaua cagcgggaa gccacuaag gguuauccc guacaucag 4440
 45 gacuucgug acccaaaaga gggguacac uugaucccu caaaaaca gagcauuu 4500
 acccgaccg cauacugac uauccugag gccuaguuc ucacagcuu cagcagcu 4560
 uggagccuc uauccuagc cgaacugcu uggauucca uuuauggac acacaucua 4620
 guugcaaaag aaguggcgg aucuacgag cuuauaggua gguuugagc ggccugau 4680
 gaacuaauu gguuuuuga ugacaaggaa gcagcaagau acaaaaaau cuuuguuuu 4740
 50 accucaagag ugagagaccu cauguaaaa cacaaggugc agaacgacac aaugaggcag 4800
 ugguuugaag agacggaa auucggcuu caaaaaguug ccuugguggu cagagcacac 4860
 ucacugacag cagacagca caguauacua ugcucagugu gugaggaaa acagaacua 4920
 gaagccaaga gguuugucc caaguguga aacagaggaa caggauuca gugcgggag 4980
 accuuggcug aguuugaaga aaauuuuac aaaaagauu aucuagugga uggagaca 5040
 55 acgcaagcau aucgagaga ggagagagga gaagucacgu acacagcuag gggcgccu 5100
 ucuugagga acuuaccu ucuggccaca aaaaacaagu auuacuggu agguaacua 5160
 gguuugaa uacaagaccu ugauccaug ggguggauu ucaggggcc agcugucug 5220
 aaaaagauag ugcaccauga acgucgagc cccaccauc cugauaaacu uauggcuu 5280
 uuugggcu ucgaagagg cgugucucc cgggcacca cccguuccc uguaucau 5340
 60 cugaaaaua aaagggguu cgaaacggg ugggcaua cacaccugg agggaucagc 5400

agcguaaUGC auguaacagc aggcUuggac auguacguca augaugccau ggguaagaacc 5460
 aaggugcagu gccaaGagag aaacaagcug acagacgaau gugaguaugg cauuaaaacu 5520
 gacucaggcu gcucugaagg ggcacgcugc uauguaauaa aucccgaagc cgucaacaua 5580
 gcaggcacca ggggcgcuaU gguacaccuc agaaaaacag guccagaauu uaccugugug 5640
 5 acagcccag gaacccagc cuucuacaau uugagggauc uuaaagguug gucagggcu 5700
 ccauuauucg aggcagcuac gggagggug guaggcagag ugaaagcagg caagaauGca 5760
 gaggauaguc caacaacuau aaugucuggc acccaggcag ccaaaccgac agagugugac 5820
 cuggagucgg ucguaaaggaa gcuggaaacc augaacagag gggaguuaa gcagguggug 5880
 cuagcaacug gggcagggaa gacaacagaa cugccaagga agcuauaaga agccgugggg 5940
 10 cggcacaaga ggguuuuagu ccuaaucccc cugagagcag cagcagaggg gguuuuaac 6000
 uauaugagaa caaagcaucc aagcauagca uucaaccuga ggauagggga cuuaaaagaa 6060
 ggagacaugg caacugguau aacuuauGCC ucauagguu auuuuuGca aauggacaug 6120
 ccacggcuag augcagcuau gaaggaguac aacuacauau uccuggacga auaucauugu 6180
 gcaacaccag agcaauuggc ugugauguca aaauacaca ggaucagugc ugaccuaaga 6240
 15 gugguggcca ugacagcuac ccugcaggc gcuguguca aggugggcca gaaauucucc 6300
 auagaagaag ugguggugcc agagguaauG aaaggggaag accuaggcga ggauuuuug 6360
 gacauagccg gacuaaaaau accaaaaucg gaacuacaag ggaugucuu aacguuuuu 6420
 ccgacaaaaa aguuggcguc agacacugcu aagaaacuaa ccaccaggg cuacaacgcu 6480
 ggguaauacu uuagugguga agaccaagc ucgcugcgca ccuaaacauc aaaaucuccg 6540
 20 uacaucaua uagccacca uGcauagag ucagggguga cauuaccaga ccuagacaca 6600
 guauuugaca cagggaugaa gugugaaaag agggugagaa uagagaaca ggcuccauac 6660
 auauaacag gccuaaaaag aauggccauc accacagggg agcaagccca gaggaaggga 6720
 agaguaggua gagucaaaacc agggagauac cuaagaggc cugaaaauGc agguggagag 6780
 agagauuau acuaugaccu gcugcaggca caacguuau ggcuccagga uGcaucaac 6840
 25 aucaccaaU cauucaggga gaugaacuau gacugggcac ucuauagga agaccacug 6900
 agaauaacac aauggaggu auuaauacc cuacucauau ccaaagauGc gccaacaguc 6960
 acaagaauu ugaugaccag gaccacacac ccagaacca uucauuuagc uuacaauagc 7020
 auagaaaccc ccguccagU gcuguucccg aaagugaagg guggagaggu gaccgaugcu 7080
 uaugagaccu augaacugau gaugugucgg aagcuggaua acgaccccc gauuuauucg 7140
 30 uauGCCacgg aagaugaaga ccuagcagug gaccuccuga accugaaauG gccgcagug 7200
 ucaacagccu cggccauaga aacagaggac gccucaaca aguuaucggg gcuuucggca 7260
 ggggaaacag ccugcuagu ggcucugcu gguugggugc guuacgaggc ucuggugaa 7320
 agacacauac caauagugac ugacauauu acaauugaag augaaaaacu uaggacacc 7380
 accaccucc aguauuacc agaugaacug caaacaccg agacagugga gcugaaagac 7440
 35 cugucggc acgaacugaa agaagccug gaaagcgga aaaguuaugu caaagacgcc 7500
 uuugaauucg uaaaucaca gguugagaag cucccgaca caaaaauuu caagcaaguc 7560
 caagagaagu caccggucu uuuaaaaaa uuuuuggccu aucugucaga acacaguagu 7620
 gacauaaGc aaauaggauu guggggguc cauaccuc uGacaauag uaucaaaGg 7680
 agauuggggc acgaaacugc cuucgcuca ugaucauca aguggauagc auuuuccagc 7740
 40 gaagggcugc cuggaauggu gaaacaagcu gcugugacu uggugguaua uuauGauc 7800
 acaaaaccag auuucaaagg ugacaaagac acccaagauG auggaaggaa guucguagga 7860
 gccguuucg ugucagcucu ggccauuac acuuuaaaa auuuuaaua gucaacacu 7920
 gaagguuag uauGCCagc auugaacuac cuaccuauG caggggcugc acuaaaaaa 7980
 uuugugccu cuaaauuaga gagcuuagua auacuguca caaccauGc caggaccuac 8040
 45 cucuccaua agaaaggcuc uagucaagga cuggcugggu uagcagugag cucagguauG 8100
 gaaauuaGc aucagaaucc aaauacagug gccauugcg uggcauuggg agucggugcc 8160
 auagcugc acaaugcgau cgagagcagc gaggcaaaga ggaccguu gaugaaggua 8220
 uuuguaaaa acuuucuaga ccaggcagcg acagacgagc ugguaaaaga gaaccagaa 8280
 aaauuaaua uggcaguauu ugaagcauGc cagacagcag guauuccaua aaggcuaua 8340
 50 uaccaccuau augccauguu cuacaaaggu uggaacgccu ccagauagc agauaagaca 8400
 gcggggagga acauauucg gcugacaaua uucgaggggu uagaacuguu gggacuagac 8460
 aaggauucca aguggaggga uuugagcuca auuuuuuag uggaugcau caggagcuc 8520
 auugaaaaa ugacuaaaa acucagaaac accaccaagu cauuaucau auccuugcug 8580
 ccagcuccau ucucuGcag gagauucaca agagacaaca gaauuggauG gccacuuu 8640
 55 auuuuGau auuacgagau aaauugugc uugggguacc ggaggagagu gguaaaaacu 8700
 gucaucgacc cagucaccug ggagacuuu gaagaagaag gccugaguU cugcuucaac 8760
 agggggacua acgcccuggc aaaccaaga guugcaagu auuacucagc uggagagcca 8820
 guucuccag ugguaaaaag agagggguu ggcgaauc ugguaagggg ggugacauc 8880
 cagaugcau augaccaca caagauacuc gccacugaca acuggcaagu gccauuccag 8940
 60 gcagugacga agauuuuac agauuaccag ggcuaagggu accaagaagc auaucugga 9000

acccagccaa acuaaaaagc acuggugaag aggucauuccg ucacgauuac aaaagaaggc 9060
 cugaaaauua uaagaugcaa gaaagggauc gcguauacga ccaaucaaaa cuuaacccac 9120
 auccaaaagc uggugcaggu gugcagaauug aaugaauugc aagaaggcgu cauaccugag 9180
 5 accuuggaug gcgacaccug gauuaacuac auggcaauca ucgaagaugu gggggccaca 9240
 aaaccaagcu uggagagaga gucauacccg aaaccuacg aggaggaucc ccucgaaggc 9300
 cccaguguga ucguggaaac aggggacgug gacauacaaa aagugggcu aaaucaacaa 9360
 uccaguucan caggaaaccgu cuuuaagaa guggagaaga ucuaucuaa acuggucaa 9420
 acaauugua uaaagauagg auucaaaaga ggcuguuucc cgggaccac aaagaugug 9480
 10 aaaucauuga augagcaau agaagauaaa gacagaaaac cauacaucu cauagcucu 9540
 uccgacaaag cauguccaa cagagaaaag acugcaagga acuuuaagaa acucaacaca 9600
 aaucggcga uaguagcccg uauuuuggcc agggaaggga aaugaucau aauguacua 9660
 ggagagaagu accaugagga caucuaaaa caugcugacu ucaaggggac uuuccugac 9720
 aggaaggcac uggaagccu guccaaggcc aagccugua aaaagaacau gacuaggaga 9780
 gaggcucau aucugcugga aaagaagcu agugaagaca uagagguacc agauggcug 9840
 15 ggauuguaa aaccuauuu uuuggaugua accaaaagug gugaaacua ccaucugua 9900
 ggggaucua aucacuugaa ggcacaagcg gaacaacuug gugccaaggc aaccacuaca 9960
 auaaaauaag uagggaagac guauacaau aaccucagua caugguggga gagugaaaga 10020
 acccccacau ucagacccu guuccaggaa cugcuguuac gcugcaggcc augcacuagg 10080
 gaggaguua agagcugcca uuuguagg gcuacacaa uggccggagg aaacuggaaa 10140
 20 ccaguagccc cuguggugca ccuaggacu auaccagca aaagagagaa augccugcca 10200
 uaugaagcau auauaucacu uaagaauaug guggaaaacc uaaaaauaga gaauccugga 10260
 gugugcaaga agaaacauca guggcucua auaaaaaua aaaaacaagg ggaauuaggc 10320
 uugaagauc ucguaucucc ugggagugua gggggaucac gugguacag aaagaagaa 10380
 uucaacauuu acaacaaca gauuacgagc acaugcugg cuguggggau caagccagag 10440
 25 aaguuuccag ucugcagagc ucaaagucc aagagagaau uccaauaagc aaauagagag 10500
 aagaugua agcugccaa ccccagaau agggaccucc auagggaacu gaaagaaaua 10560
 uuugacucgg ugugcgugu aaaagauuug aaacauaccu acgaagaagu cagcuggau 10620
 guacugagc uggggaucua caggaaagga gcagcuggcu auuucgaaa gaagaugug 10680
 ggugagauaa uagacacuga caggagagg gucgagaaac uuaucaaggu aaugaaaacc 10740
 30 gggggaccua uagacuacua ugagacagca auaccuaaga augagaagag agcaguugua 10800
 gaugacuggc uggaaggaga uuucguugaa gagaaaaagc cacgagugau ccaauaccca 10860
 gaagcaaaa ugcuuuugc auaaccaa guuauugua auugggucaa gcaaaaacca 10920
 guggugauac cggguacga ggggaagaca ccuuuguua aaguguuuga uaagguuuu 10980
 gaugaugga acaacugag agaccgggu gcagucagu ucgacacua agcauggau 11040
 35 acacaugua caccugagga cuuacaauug auaucggaa uccaaaagua uuacuuuaa 11100
 ccaaaauacc acaauuuu ugaacaauug acugcgaga ugaagaagu gccagucug 11160
 ugccaggau gggagguua caucaggcu ggacagagag gaaguggcca gccagauacc 11220
 agugcaggaa auagcaugu gauguguu acaugauau augcuuuug caauccaau 11280
 gacauccgu acaaggcau ccgaaggug gcaaaaauac acgucugug cgacgaugg 11340
 40 uuuccauua cagagaggcg ccuaggagag aacuuugcug cgauggggcc acaauacug 11400
 auggaaggcg ggaaccaca gaaacuggua ggagagauug gacugaagcu agccuacaag 11460
 uuaccagga uagauucug cuccacacg ccuauacaag uaaggugga ugacaacaca 11520
 acuaguauu uaccaggcag agacaggca accaucuug caaagaugug uaccaggcug 11580
 gacuccgag gggagcggg uaccaguucc uaugaacuug cuguugugu uaguuuucc 11640
 45 cuauuguacu ccuggaacc aauguuaga aggaucugc uauuaguau ggcaacauc 11700
 ggaguaaaag acccagaua aucaggaaca auauuaccu ucucuggaga cccacuagg 11760
 gcguacaagg aaguauuag acaccgauug ggcaacua acaaacuga auuuuacaaa 11820
 uuugcaugu gcauuuauc auugcacug uuaggguuu acaguaggca caccuacaaa 11880
 agaaucau aggacugugu gaagauugga accuuaacc gacagagccc cgugaugca 11940
 50 gaucguuga uagcaaaaga gacugguuu guauacgaac cgucaagggg caguguuagg 12000
 gugggaaaac acuaugaaga auuggaauug gacaaaugga aaaagaagac gccacuaa 12060
 gaagggcg aaagguacu uccaggcccg auuaagaccu uuauacuga aagacuaa 12120
 guuuacaga ugauaggccu gaaauucuu uauuuuau ggaguacagg uuacagcugu 12180
 guuacacaga aagugggug gcacacuac cucuggagc aacuuguaa uagguuagua 12240
 55 auuuuuuu auuagacgu auuacuuu uuuuuuuu auuuuuuu uuuuuuuu 12300
 uuuuuuac cuacugaug agcugguuug ucagcuuug aaagugggu gugucacuug 12360
 cgucaggagc aaauaccua auacaacgc uaccacauag ccugagacca gguugugaa 12420
 gagaguugc ccucugcgu ugggagcu cuaccuaag uaccagcug cugaagcug 12480
 uuaccucaa uccauggau gaccguagc auuggucua uuaauccgu cauuuuuu 12540
 60 uagcacuuu aagcuauuug ggacuaaag uaaggacguc cuaggaggga cuacuacag 12600

uissaagagg cccc 12614

<210> 3

<211> 3923

<212> БЛОК

5 <213> Свиный пестивірус

<400> 3

Met Glu Phe Lys Ile Leu Asn Asn Thr Lys Lys Lys Asn Asn Asn Glu
1 5 10 15

Glu Glu Ala Glu Gly Asn Met Phe Trp Arg Met Tyr Arg Arg Pro Pro
20 25 30

Pro Gly Cys Tyr Glu Pro Thr Tyr Asn Leu Ser Gly Thr Pro Ser Phe
35 40 45

Gly Pro Met His Pro Pro Leu Arg Lys Gly Ser Thr Leu Arg Leu Pro
50 55 60

His Trp Arg Gly Ile Ala Thr Val Gly Cys Glu Leu Lys Asn Leu Pro
65 70 75 80

Arg Lys Gly Asp Cys Thr Lys Cys His Ala Asn Pro Thr Ser Gly Ile
85 90 95

Tyr Leu Asn Leu Gly Ala Val Phe Tyr Lys Asp Tyr Glu Gly Glu Val
100 105 110

Tyr His Arg Val Pro Leu Glu His Cys Glu Glu Gln Gln Arg Cys Glu
115 120 125

Val Val Lys Arg Val Gly Arg Met Thr Ala Ser Asp Gly Ser Leu Val
130 135 140

Gly Val Leu Val Cys Ser Asp Asp Cys Val Leu Phe Glu Arg Arg Arg
145 150 155 160

Gly Glu His Thr Val Leu Lys Trp Val Lys Asn Pro Ile Gly Ala Pro
165 170 175

Leu Trp Val Gln Ser Cys Ser Asp Glu Lys Gly Ala Lys Pro Lys Asn
180 185 190

Lys Ser Lys Gln Gln Asn Asp Arg Met Ala Pro Gly Lys Met Val Thr
195 200 205

Lys Pro Lys Glu Val Glu Ala Asp Gln Lys Thr Arg Pro Pro Asp Ala

10

210	215	220
Thr Ile Val Val Asp Gly Gln Lys Tyr Gln Val Arg Lys Lys Gly Lys		
225	230	235 240
Ala Lys Pro Lys Thr Pro Asp Gly Leu Tyr His Asn Lys Asn Lys Pro		
	245	250 255
Glu Ala Ser Arg Lys Lys Leu Glu Lys Ala Leu Leu Ala Trp Ala Val		
	260	265 270
Ile Ala Ile Ile Leu Ile Gln Gln Thr Thr Ala Asn Asn Val Thr Gln		
	275	280 285
Trp Asn Leu Trp Asp Asp Lys Asn Ala Thr Asp Val His Ser Val Met		
	290	295 300
His Gln Arg Gln Ile Lys Arg Ser Leu His Gly Ile Trp Pro Glu Arg		
	305	310 315 320
Ile Cys Lys Gly Val Pro Gly His Leu Ala Thr Asp Tyr Glu Leu Lys		
	325	330 335
Arg Ile Glu Gly Met Leu Asp Ala Ser Gln Lys Thr Asn Phe Thr Cys		
	340	345 350
Cys Arg Leu Gln Arg His Glu Trp Asn Lys His Gly Trp Cys Asn Trp		
	355	360 365
Tyr Asn Ile Asp Pro Trp Val Ala Ile Met Asn Arg Thr Gln Ala Leu		
	370	375 380
Leu Ser Ser Gly Gln Asn Phe Thr Glu Cys Ala Val Thr Cys Arg Tyr		
	385	390 395 400
Asp Thr Glu Gln Gln Ile Asn Ile Val Thr Gln Ala Arg Met Thr Pro		
	405	410 415
Thr Ile Leu Thr Gly Cys Lys Lys Asp Val Asn Phe Ser Phe Ser Gly		
	420	425 430
Glu Val Arg Thr Gly Pro Cys Asn Tyr Glu Leu Lys Pro Glu Asp Leu		
	435	440 445
Met Arg Ile Leu Asp His Thr Asn Cys Lys Asp Phe Ser Tyr Phe Gly		
	450	455 460

Glu Gly Leu Val Asp Asp Phe Thr Glu Ala Thr Glu Lys Ile Arg Ser
 465 470 475 480
 Ser Gly Tyr Arg Ala Leu Ser Trp Leu Gln Asp Lys Leu Glu Lys Thr
 485 490 495
 Lys Lys Lys Val Phe Gly Ala Glu Ala Thr Pro Tyr Cys Asn Val Thr
 500 505 510
 Arg Arg Val Phe Asn Ile Ile Tyr Thr Asn Asn Cys Thr Pro Ala Gly
 515 520 525
 Leu Pro Asp Asn Thr Arg Ile Val Gly Pro Gly Thr Phe Asp Ile Ser
 530 535 540
 Glu Met Glu Asn Lys Lys Leu Leu Pro Asn Leu Asp Tyr His Leu Ala
 545 550 555 560
 Asp Phe Met Val Leu Gly Leu Val Ala Leu Ser Asp Phe Ala Pro Glu
 565 570 575
 Thr Ala Ser Thr Ile Tyr Leu Val Leu His Tyr Trp Leu Pro Gln Ala
 580 585 590
 Glu Val His Thr Leu Asp Thr Pro Leu Asp Thr Asn Lys Leu Asn Leu
 595 600 605
 Thr Arg Asn Arg Gln Val Ser Ser Val Val Pro Asn Ser Ile Trp Leu
 610 615 620
 Gly Gly Gln Leu Val Cys Val Lys Pro Arg Trp Trp Pro Tyr Ser Ala
 625 630 635 640
 Glu Ile Thr Thr Val Ile Ser Gly Leu Thr Thr Val Thr Asp Leu Val
 645 650 655
 Val Lys Thr Ile Glu Glu Leu Val Ser Leu Trp Thr Glu Ala Thr Ala
 660 665 670
 Val Ala Phe Leu Ala Ala Leu Ile Lys Ile Phe Arg Gly Gln Pro Ile
 675 680 685
 Gln Ala Leu Ala Trp Leu Ile Ile Ile Gly Gly Ala Gln Gly Leu Glu
 690 695 700
 Cys Asn Phe Glu Leu Gln Tyr Ala Leu Ala Gly Asn Thr Ser Met Ser

705		710		715		720									
Leu	Leu	Gly	Pro	Thr	Ala	Leu	Lys	Thr	Gln	Trp	Tyr	Gln	Ala	Ala	Asp
				725					730					735	
Gly	Val	Lys	Ile	Thr	Asp	Gly	Val	Val	Thr	Val	Ile	Cys	Asn	Lys	Gly
			740					745					750		
Ile	Phe	Ser	Val	Thr	Pro	Arg	Cys	Lys	Glu	Ala	Pro	Val	Arg	Tyr	Leu
		755						760					765		
Ala	Ile	Asn	His	Pro	Arg	Ser	Leu	Ser	Thr	Ser	Ala	Trp	Phe	Lys	Lys
		770						775				780			
Ile	His	Asp	Pro	Ala	Asp	His	Pro	Thr	Glu	Thr	Leu	Met	Gly	Glu	Lys
785					790				795						800
Gly	Arg	Ala	Tyr	Leu	Cys	Pro	Cys	Gly	Ala	Thr	Pro	Leu	Pro	Lys	Pro
				805					810					815	
Lys	Val	Pro	Phe	Asn	Pro	Ile	Thr	Ile	Gln	Gly	Ser	Ala	Phe	Ser	Leu
				820					825				830		
Thr	Cys	Pro	Lys	Asn	Trp	Gln	Gly	Asp	Ile	Glu	Cys	Asn	Leu	Leu	Ser
		835						840					845		
Pro	Asp	Thr	Leu	Ala	Ile	Glu	Thr	Ile	Tyr	Thr	Phe	Arg	Lys	His	Lys
		850				855					860				
Pro	Tyr	Lys	Glu	Glu	Pro	Tyr	Cys	Ser	Tyr	Thr	Lys	Val	Val	Asp	Gly
865					870					875				880	
Tyr	Leu	Arg	Asn	Val	His	Leu	Trp	Gly	His	Asp	Thr	Cys	Val	Ala	Gly
				885					890					895	
Asp	Ile	Ile	Asn	Gly	Ser	Gln	Asp	Asp	Ser	Val	Thr	Lys	Cys	Lys	Trp
			900					905					910		
Cys	Gly	Tyr	Glu	Phe	Asn	Ser	Ala	Thr	Asp	Leu	Pro	Asp	Tyr	Pro	Ile
		915						920				925			
Gly	Tyr	Cys	Thr	Lys	Arg	Gly	Thr	Asn	Tyr	Leu	Ile	Arg	Tyr	Lys	Gln
		930				935					940				
Val	Pro	Cys	Gln	Val	Gly	Gly	Val	Arg	Ile	Gly	Ser	Gly	Lys	Val	Glu
945					950					955				960	

Cys Thr Ile Gly Ser Thr Arg Val Lys Val Glu Gln Thr Ser Asn Glu
965 970 975

Leu Gly Pro Met Pro Cys Lys Pro Ile Val Tyr Ser Ser Gln Gly Pro
980 985 990

Pro Asn Pro Lys Thr Cys Thr Phe Lys Trp Ser Tyr Thr Leu Asn Asn
995 1000 1005

Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg Asp Glu Phe Phe Gln Gln Tyr Ile Thr
1010 1015 1020

Ser Gly Gly Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Thr Ala Lys Asp His
1025 1030 1035

Val Met Asp Trp Val Thr Arg Tyr Phe Pro Ile Ile Val Val Ala
1040 1045 1050

Leu Leu Gly Gly Arg Ala Val Leu Trp Ile Leu Ile Ala Tyr Glu
1055 1060 1065

Leu Leu Asn His Tyr Gln Val Gly Ala Asp Gln Asn Thr Leu Leu
1070 1075 1080

Gln Ala Glu Ala Leu Val Ile Gly Asn Ile Leu Met Thr Arg Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Val Met Val Cys Phe Leu Leu Leu Met Val Leu Ile Arg
1100 1105 1110

Arg Gln Gln Ala Arg Arg Ala	Leu Ala Leu Val Phe	His Trp Met
1115	1120	1125
Val Met His Pro Ala Gln Ser	Ala Ile Ala Thr Leu	Val Tyr Val
1130	1135	1140
Ile Gly Ile Val Arg Ala Glu	Glu Gly Gln Val Asn	Ser Asp Ser
1145	1150	1155
Ser Thr Gln Ala His Val Val	Ala Ile Leu Leu Phe	Leu Ile Tyr
1160	1165	1170
His Thr Leu Lys Glu Arg Asp	Leu His Thr Ala Met	Thr Leu Leu
1175	1180	1185
Leu Thr Phe Ser Ile Lys Ser	Thr Asp Tyr Val Asp	Thr His Tyr
1190	1195	1200
Tyr Glu Ile Pro Met Leu Phe	Thr Val Ile Ser Leu	Val Ile Ser
1205	1210	1215
Ile Tyr Ile Phe Asn Ile His	Ile Lys Thr Lys Trp	Val Ala Leu
1220	1225	1230
Val Leu Ser Met Val Gly Met	Val Thr Phe Ile Arg	Cys Leu Trp
1235	1240	1245
Leu Ile Arg Asn Ile Gln Ile	Thr Pro Pro Ser Ile	Pro Leu Thr
1250	1255	1260
Tyr Ile Ser Pro Lys Ile Leu	Ile Ile Ala Tyr Leu	Val Ser Leu
1265	1270	1275
Thr Val Leu Val Asn Asn Asn	Leu Asp Leu Ala Ser	Tyr Val Ile
1280	1285	1290
Arg Ala Gly Pro Ile Leu Met	Ser Tyr Leu Thr Leu	Trp Val Asp
1295	1300	1305
Ile Leu Met Leu Leu Val Leu	Leu Pro Trp Tyr Glu	Leu Ile Lys
1310	1315	1320
Val Tyr Tyr Leu Lys Lys Lys	Lys Asp Asp Ile Glu	Asp Cys Phe
1325	1330	1335
Gln Tyr Ser Gly Ile Ala Thr	Gln Gly Leu Ser Pro	Tyr Asn Gln
1340	1345	1350

Asp Phe Val Asp Pro Lys Glu Gly Val His Leu Ile Pro Ser Gln
 1355 1360 1365

Asn Lys Ser Asn Phe Thr Arg Thr Ala Tyr Leu Thr Ile Leu Arg
 1370 1375 1380

Ala Leu Val Leu Thr Ala Phe Ser Ser Ile Trp Lys Pro Leu Ile
 1385 1390 1395

Leu Ala Glu Leu Leu Leu Glu Ser Ile Tyr Trp Thr His Ile Lys
 1400 1405 1410

Val Ala Lys Glu Val Ala Gly Ser Thr Arg Leu Ile Gly Arg Phe
 1415 1420 1425

Val	Ala	Ala	Leu	Ile	Glu	Leu	Asn	Trp	Val	Phe	Asp	Asp	Lys	Glu	
1430						1435					1440				
Ala	Ala	Arg	Tyr	Lys	Lys	Phe	Phe	Val	Leu	Thr	Ser	Arg	Val	Arg	
1445						1450					1455				
Asp	Leu	Met	Val	Lys	His	Lys	Val	Gln	Asn	Asp	Thr	Met	Arg	Gln	
1460						1465					1470				
Trp	Phe	Glu	Glu	Thr	Glu	Ile	Phe	Gly	Leu	Gln	Lys	Val	Ala	Leu	
1475						1480					1485				
Val	Val	Arg	Ala	His	Ser	Leu	Thr	Ala	Asp	Ser	Asn	Ser	Ile	Leu	
1490						1495					1500				
Cys	Ser	Val	Cys	Glu	Glu	Lys	Gln	Asn	Ile	Gln	Ala	Lys	Arg	Val	
1505						1510					1515				
Cys	Pro	Lys	Cys	Gly	Asn	Arg	Gly	Thr	Gly	Ile	Lys	Cys	Gly	Met	
1520						1525					1530				
Thr	Leu	Ala	Glu	Phe	Glu	Glu	Lys	Tyr	Tyr	Lys	Lys	Ile	Tyr	Leu	
1535						1540					1545				
Val	Asp	Gly	Asp	Asn	Thr	Gln	Ala	Tyr	Arg	Arg	Glu	Glu	Arg	Gly	
1550						1555					1560				
Glu	Val	Thr	Tyr	Thr	Ala	Arg	Gly	Ala	Phe	Phe	Leu	Arg	Asn	Leu	
1565						1570					1575				
Pro	Ile	Leu	Ala	Thr	Lys	Asn	Lys	Tyr	Ile	Leu	Val	Gly	Asn	Leu	
1580						1585					1590				
Gly	Met	Glu	Leu	Gln	Asp	Leu	Glu	Ser	Met	Gly	Trp	Ile	Ile	Arg	
1595						1600					1605				
Gly	Pro	Ala	Val	Cys	Lys	Lys	Ile	Val	His	His	Glu	Arg	Cys	Arg	
1610						1615					1620				
Pro	Thr	Ile	Pro	Asp	Lys	Leu	Met	Ala	Phe	Phe	Gly	Leu	Met	Pro	
1625						1630					1635				
Arg	Gly	Val	Val	Pro	Arg	Ala	Pro	Thr	Arg	Phe	Pro	Val	Ser	Leu	
1640						1645					1650				
Leu	Lys	Ile	Lys	Arg	Gly	Phe	Glu	Thr	Gly	Trp	Ala	Tyr	Thr	His	

1655	1660	1665
Pro Gly Gly Ile Ser Ser Val	Met His Val Thr Ala	Gly Leu Asp
1670	1675	1680
Met Tyr Val Asn Asp Ala Met	Gly Arg Thr Lys Val	Gln Cys Gln
1685	1690	1695
Glu Arg Asn Lys Leu Thr Asp	Glu Cys Glu Tyr Gly	Ile Lys Thr
1700	1705	1710
Asp Ser Gly Cys Ser Glu Gly	Ala Arg Cys Tyr Val	Ile Asn Pro
1715	1720	1725
Glu Ala Val Asn Ile Ala Gly	Thr Arg Gly Ala Met	Val His Leu
1730	1735	1740
Arg Lys Thr Gly Pro Glu Phe	Thr Cys Val Thr Ala	Gln Gly Thr
1745	1750	1755
Pro Ala Phe Tyr Asn Leu Arg	Asn Leu Lys Gly Trp	Ser Gly Leu
1760	1765	1770
Pro Ile Phe Glu Ala Ala Thr	Gly Arg Val Val Gly	Arg Val Lys
1775	1780	1785
Ala Gly Lys Asn Ala Glu Asp	Ser Pro Thr Thr Ile	Met Ser Gly
1790	1795	1800
Thr Gln Ala Ala Lys Pro Thr	Glu Cys Asp Leu Glu	Ser Val Val
1805	1810	1815
Arg Lys Leu Glu Thr Met Asn	Arg Gly Glu Phe Lys	Gln Val Val
1820	1825	1830
Leu Ala Thr Gly Ala Gly Lys	Thr Thr Glu Leu Pro	Arg Lys Leu
1835	1840	1845
Ile Glu Ala Val Gly Arg His	Lys Arg Val Leu Val	Leu Ile Pro
1850	1855	1860
Leu Arg Ala Ala Ala Glu Gly	Val Tyr Asn Tyr Met	Arg Thr Lys
1865	1870	1875
His Pro Ser Ile Ala Phe Asn	Leu Arg Ile Gly Asp	Leu Lys Glu
1880	1885	1890

Gly Asp 1895	Met Ala Thr Gly Ile 1900	Thr Tyr Ala Ser Tyr 1905	Gly Tyr Phe
Cys Gln 1910	Met Asp Met Pro Arg 1915	Leu Asp Ala Ala Met 1920	Lys Glu Tyr
Asn Tyr 1925	Ile Phe Leu Asp Glu 1930	Tyr His Cys Ala Thr 1935	Pro Glu Gln
Leu Ala 1940	Val Met Ser Lys Ile 1945	His Arg Ile Ser Ala 1950	Asp Leu Arg
Val Val 1955	Ala Met Thr Ala Thr 1960	Pro Ala Gly Ala Val 1965	Ser Lys Val
Gly Gln 1970	Lys Phe Ser Ile Glu 1975	Glu Val Val Val Pro 1980	Glu Val Met
Lys Gly 1985	Glu Asp Leu Gly Glu 1990	Asp Tyr Leu Asp Ile 1995	Ala Gly Leu
Lys Ile 2000	Pro Lys Ser Glu Leu 2005	Gln Gly Asn Val Leu 2010	Thr Phe Val
Pro Thr 2015	Lys Lys Leu Ala Ser 2020	Asp Thr Ala Lys Lys 2025	Leu Thr Thr
Gln Gly 2030	Tyr Asn Ala Gly Tyr 2035	Tyr Phe Ser Gly Glu 2040	Asp Pro Ser
Ser Leu 2045	Arg Thr Ile Thr Ser 2050	Lys Ser Pro Tyr Ile 2055	Ile Ile Ala
Thr Asn 2060	Ala Ile Glu Ser Gly 2065	Val Thr Leu Pro Asp 2070	Leu Asp Thr

Val Ile	Asp Thr Gly Met Lys	Cys Glu Lys Arg Val	Arg Ile Glu
2075	2080	2085	
Asn Lys	Ala Pro Tyr Ile Ile	Thr Gly Leu Lys Arg	Met Ala Ile
2090	2095	2100	
Thr Thr	Gly Glu Gln Ala Gln	Arg Lys Gly Arg Val	Gly Arg Val
2105	2110	2115	
Lys Pro	Gly Arg Tyr Leu Arg	Gly Pro Glu Asn Ala	Gly Gly Glu
2120	2125	2130	
Arg Asp	Tyr His Tyr Asp Leu	Leu Gln Ala Gln Arg	Tyr Gly Leu
2135	2140	2145	
Gln Asp	Ala Ile Asn Ile Thr	Lys Ser Phe Arg Glu	Met Asn Tyr
2150	2155	2160	
Asp Trp	Ala Leu Tyr Glu Glu	Asp Pro Leu Arg Ile	Thr Gln Leu
2165	2170	2175	
Glu Val	Leu Asn Thr Leu Leu	Ile Ser Lys Asp Leu	Pro Thr Val
2180	2185	2190	
Thr Lys	Asn Leu Met Thr Arg	Thr Thr His Pro Glu	Pro Ile Gln
2195	2200	2205	
Leu Ala	Tyr Asn Ser Ile Glu	Thr Pro Val Pro Val	Leu Phe Pro
2210	2215	2220	
Lys Val	Lys Gly Gly Glu Val	Thr Asp Ala Tyr Glu	Thr Tyr Glu
2225	2230	2235	
Leu Met	Met Cys Arg Lys Leu	Asp Asn Asp Pro Pro	Ile Tyr Leu
2240	2245	2250	
Tyr Ala	Thr Glu Asp Glu Asp	Leu Ala Val Asp Leu	Leu Asn Leu
2255	2260	2265	
Lys Trp	Pro Ala Val Ser Thr	Ala Ser Ala Ile Glu	Thr Glu Asp
2270	2275	2280	
Ala Leu	Asn Lys Leu Ser Gly	Leu Ser Ala Gly Glu	Thr Ala Leu
2285	2290	2295	

Leu Val 2300	Ala Leu Leu Gly Trp 2305	Val Gly Tyr Glu Ala 2310	Leu Val Lys
Arg His 2315	Ile Pro Ile Val Thr 2320	Asp Ile Tyr Thr Ile 2325	Glu Asp Glu
Lys Leu 2330	Glu Asp Thr Thr His 2335	Leu Gln Tyr Ser Pro 2340	Asp Glu Leu
Gln Asn 2345	Thr Glu Thr Val Glu 2350	Leu Lys Asp Leu Ser 2355	Ala His Glu
Leu Lys 2360	Glu Ala Leu Glu Ser 2365	Gly Lys Ser Tyr Val 2370	Lys Asp Ala
Phe Glu 2375	Phe Val Lys Ser Gln 2380	Val Glu Lys Leu Pro 2385	Asp Thr Lys
Ile Tyr 2390	Lys Gln Val Gln Glu 2395	Lys Ser Pro Gly Leu 2400	Leu Glu Lys
Phe Leu 2405	Ala Tyr Leu Ser Glu 2410	His Ser Ser Asp Ile 2415	Lys Lys Tyr
Gly Leu 2420	Trp Gly Val His Thr 2425	Ser Leu Tyr Asn Ser 2430	Ile Lys Glu
Arg Leu 2435	Gly His Glu Thr Ala 2440	Phe Ala Ser Leu Ile 2445	Ile Lys Trp
Ile Ala 2450	Phe Ser Ser Glu Gly 2455	Leu Pro Gly Met Val 2460	Lys Gln Ala
Ala Val 2465	Asp Leu Val Val Tyr 2470	Tyr Leu Ile Asn Lys 2475	Pro Asp Phe
Lys Gly 2480	Asp Lys Asp Thr Gln 2485	Asp Asp Gly Arg Lys 2490	Phe Val Gly
Ala Leu 2495	Phe Val Ser Ala Leu 2500	Ala Asn Tyr Thr Phe 2505	Lys Asn Phe
Asn Lys 2510	Ser Thr Leu Glu Gly 2515	Leu Val Met Pro Ala 2520	Leu Asn Tyr
Leu Pro 2525	Tyr Ala Gly Ala Ala 2530	Leu Lys Ile Phe Val 2535	Pro Thr Lys

Leu Glu Ser Leu Val Ile Leu Ser Thr Thr Ile Tyr Arg Thr Tyr
2540 2545 2550

Leu Ser Ile Lys Lys Gly Ser Ser Gln Gly Leu Ala Gly Leu Ala
2555 2560 2565

Val Ser Ser Gly Met Glu Ile Met Asn Gln Asn Pro Ile Ser Val
2570 2575 2580

Ala Ile Ala Val Ala Leu Gly Val Gly Ala Ile Ala Ala His Asn

2585

2590

2595

Ala Ile Glu Ser Ser Glu Ala Lys Arg Thr Leu Leu Met Lys Val
2600 2605 2610

Phe Val Lys Asn Phe Leu Asp Gln Ala Ala Thr Asp Glu Leu Val
2615 2620 2625

Lys Glu Asn Pro Glu Lys Ile Ile Met Ala Val Phe Glu Ala Ile
2630 2635 2640

Gln Thr Ala Gly Asn Pro Ile Arg Leu Ile Tyr His Leu Tyr Ala
2645 2650 2655

Met Phe Tyr Lys Gly Trp Asn Ala Ser Gln Ile Ala Asp Lys Thr
2660 2665 2670

Ala Gly Arg Asn Ile Phe Val Leu Thr Ile Phe Glu Gly Leu Glu
2675 2680 2685

Leu Leu Gly Leu Asp Lys Asp Ser Lys Trp Arg Asp Leu Ser Ser
2690 2695 2700

Asn Tyr Leu Val Asp Ala Ile Arg Lys Leu Ile Glu Lys Leu Thr
2705 2710 2715

Lys Ile Leu Arg Asn Thr Thr Lys Ser Leu Ile Lys Ser Leu Leu
2720 2725 2730

Pro Ala Pro Phe Ser Cys Thr Arg Phe Thr Arg Asp Asn Arg Ile
2735 2740 2745

Gly	Trp	Pro	His	Leu	Asn	Phe	Asp	Tyr	Tyr	Glu	Ile	Asn	Cys	Ala
2750						2755					2760			

Cys	Gly	Tyr	Arg	Arg	Arg	Val	Val	Lys	Thr	Val	Ile	Asp	Pro	Val
2765						2770					2775			

Thr	Trp	Glu	Thr	Leu	Glu	Glu	Glu	Gly	Pro	Glu	Phe	Cys	Phe	Asn
2780						2785					2790			

Arg	Gly	Thr	Asn	Ala	Leu	Ala	Asn	Pro	Arg	Val	Ala	Ser	Tyr	Tyr
2795						2800					2805			

Ser	Ala	Gly	Glu	Pro	Val	Leu	Pro	Val	Val	Lys	Arg	Glu	Gly	Val
2810						2815					2820			

Gly	Glu	Ile	Leu	Val	Arg	Gly	Val	Thr	Ile	Gln	Met	His	Tyr	Asp
2825						2830					2835			
His	Asn	Lys	Ile	Leu	Ala	Thr	Asp	Asn	Trp	Gln	Val	Pro	Phe	Gln
2840						2845					2850			
Ala	Val	Thr	Lys	Ile	Phe	Thr	Asp	Tyr	Gln	Gly	Ile	Gly	Tyr	Gln
2855						2860					2865			
Glu	Ala	Tyr	Leu	Gly	Thr	Gln	Pro	Asn	Tyr	Lys	Ala	Leu	Val	Lys
2870						2875					2880			
Arg	Ser	Ser	Val	Thr	Ile	Thr	Lys	Glu	Gly	Leu	Lys	Phe	Ile	Arg
2885						2890					2895			
Cys	Lys	Lys	Gly	Ile	Ala	Tyr	Thr	Thr	Asn	Leu	Asn	Leu	Thr	His
2900						2905					2910			
Ile	Gln	Lys	Leu	Val	Gln	Val	Cys	Arg	Met	Asn	Glu	Leu	Gln	Glu
2915						2920					2925			
Gly	Val	Ile	Pro	Glu	Thr	Leu	Asp	Gly	Asp	Thr	Trp	Ile	Asn	Tyr
2930						2935					2940			
Met	Ala	Ile	Ile	Glu	Asp	Val	Gly	Ala	Thr	Lys	Pro	Ser	Leu	Glu
2945						2950					2955			
Arg	Glu	Ser	Tyr	Pro	Lys	Pro	Tyr	Glu	Glu	Asp	Pro	Leu	Glu	Gly
2960						2965					2970			
Pro	Ser	Val	Ile	Val	Glu	Thr	Gly	Asp	Val	Asp	Ile	Thr	Lys	Val
2975						2980					2985			
Gly	Val	Asn	Gln	Gln	Ser	Ser	Ser	Ser	Gly	Thr	Val	Phe	Gln	Val
2990						2995					3000			
Val	Glu	Lys	Ile	Tyr	Thr	Lys	Leu	Val	Asn	Thr	Asn	Val	Ile	Lys
3005						3010					3015			
Ile	Gly	Phe	Lys	Glu	Gly	Cys	Phe	Pro	Gly	Pro	Thr	Lys	Asn	Val
3020						3025					3030			
Asn	Ser	Leu	Asn	Glu	His	Ile	Gln	Asp	Lys	Asp	Ser	Lys	Pro	Tyr
3035						3040					3045			
Ile	Phe	Ile	Cys	Ser	Ser	Asp	Lys	Ala	Met	Ser	Asn	Arg	Val	Lys

3050		3055		3060
Thr Ala Arg Asn Ile Lys Lys Leu Asn Thr Asn Ser Ala Ile Val				
3065		3070		3075
Ala Arg Asn Leu Ala Arg Glu Gly Lys Leu Ile Ile Ile Val Leu				
3080		3085		3090
Gly Glu Lys Tyr His Glu Asp Ile Tyr Lys His Ala Asp Phe Lys				
3095		3100		3105
Gly Thr Phe Leu Asp Arg Lys Ala Leu Glu Ala Leu Ser Lys Ala				
3110		3115		3120
Lys Pro Val Lys Lys Asn Met Thr Arg Arg Glu Ala Gln Tyr Leu				
3125		3130		3135
Leu Glu Lys Lys Leu Ser Glu Asp Ile Glu Val Pro Glu Trp Leu				
3140		3145		3150
Gly Ser Glu Lys Pro Met Phe Leu Asp Val Thr Lys Ser Gly Glu				
3155		3160		3165
Thr Tyr His Leu Leu Gly Asp Leu Asn His Leu Lys Ala Gln Ala				
3170		3175		3180
Glu Gln Leu Gly Ala Lys Ala Thr Thr Thr Ile Asn Lys Val Gly				
3185		3190		3195
Lys Thr Tyr Thr Met Asn Leu Ser Thr Trp Trp Glu Ser Glu Arg				
3200		3205		3210
Thr Pro Thr Phe Arg Pro Leu Phe Gln Glu Leu Leu Leu Arg Cys				
3215		3220		3225
Arg Pro Cys Thr Arg Glu Glu Tyr Lys Ser Cys His Phe Val Gly				
3230		3235		3240
Ala Thr Gln Leu Ala Gly Gly Asn Trp Lys Pro Val Ala Pro Val				
3245		3250		3255
Val His Leu Gly Thr Ile Pro Ala Lys Arg Glu Lys Cys Leu Pro				
3260		3265		3270
Tyr Glu Ala Tyr Ile Ser Leu Lys Asn Met Val Glu Asn Leu Lys				
3275		3280		3285

Ile	Glu	Asn	Pro	Gly	Val	Cys	Lys	Lys	Lys	His	Gln	Trp	Leu	Leu
3290						3295					3300			
Asn	Lys	Ile	Lys	Lys	Gln	Gly	Glu	Leu	Gly	Leu	Lys	Asn	Leu	Val
3305						3310					3315			
Ser	Pro	Gly	Ser	Val	Gly	Gly	Ser	Arg	Gly	Tyr	Arg	Lys	Lys	Glu
3320						3325					3330			
Phe	Asn	Ile	Tyr	Asn	Lys	Gln	Ile	Thr	Ser	Thr	Met	Leu	Ala	Val
3335						3340					3345			
Gly	Ile	Lys	Pro	Glu	Lys	Phe	Pro	Val	Val	Arg	Ala	Gln	Thr	Ser
3350						3355					3360			
Lys	Arg	Glu	Phe	His	Gln	Ala	Ile	Arg	Glu	Lys	Ile	Asp	Lys	Leu
3365						3370					3375			
Pro	Asn	Pro	Gln	Asn	Arg	Asp	Leu	His	Lys	Glu	Leu	Lys	Glu	Ile
3380						3385					3390			
Phe	Asp	Ser	Val	Cys	Ala	Val	Lys	Asp	Leu	Lys	His	Thr	Tyr	Glu
3395						3400					3405			
Glu	Val	Ser	Trp	Asp	Val	Leu	Thr	Val	Gly	Ile	Asn	Arg	Lys	Gly
3410						3415					3420			
Ala	Ala	Gly	Tyr	Phe	Glu	Lys	Lys	Asn	Val	Gly	Glu	Ile	Ile	Asp
3425						3430					3435			
Thr	Asp	Arg	Arg	Gly	Val	Glu	Lys	Leu	Ile	Lys	Val	Met	Lys	Thr
3440						3445					3450			
Gly	Gly	Pro	Ile	Asp	Tyr	Tyr	Glu	Thr	Ala	Ile	Pro	Lys	Asn	Glu
3455						3460					3465			

Lys Arg Ala Val Val Asp Asp Trp Leu Glu Gly Asp Phe Val Glu
3470 3475 3480

Glu Lys Lys Pro Arg Val Ile Gln Tyr Pro Glu Ala Lys Met Arg
3485 3490 3495

Leu Ala Ile Thr Lys Val Met Tyr Asn Trp Val Lys Gln Lys Pro
3500 3505 3510

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

3515

3520

3525

Phe Asp Lys Val Phe Asp Glu Trp Lys Gln Leu Arg Asp Pro Val
3530 3535 3540

Ala Val Ser Phe Asp Thr Lys Ala Trp Asp Thr Gln Val Thr Pro
3545 3550 3555

Glu Asp Leu Gln Leu Ile Ser Glu Ile Gln Lys Tyr Tyr Phe Lys
3560 3565 3570

Pro Lys Tyr His Lys Phe Ile Glu Thr Leu Thr Ala Glu Met Lys
3575 3580 3585

Glu Val Pro Val Val Cys Gln Asp Gly Glu Val Tyr Ile Arg Leu
3590 3595 3600

Gly Gln Arg Gly Ser Gly Gln Pro Asp Thr Ser Ala Gly Asn Ser
3605 3610 3615

Met Leu Asn Val Leu Thr Met Ile Tyr Ala Phe Cys Lys Ser Asn
3620 3625 3630

Asp Ile Pro Tyr Lys Ala Phe Arg Arg Val Ala Lys Ile His Val
3635 3640 3645

Cys Gly Asp Asp Gly Phe Leu Ile Thr Glu Arg Arg Leu Gly Glu
3650 3655 3660

Asn Phe Ala Ala Met Gly Pro Gln Ile Leu Met Glu Ala Gly Lys
3665 3670 3675

Pro Gln Lys Leu Val Gly Glu Met Gly Leu Lys Leu Ala Tyr Lys
3680 3685 3690

Phe Gln Asp Ile Glu Phe Cys Ser His Thr Pro Ile Gln Val Arg
 3695 3700 3705
 Trp Asp Asp Asn Thr Thr Ser Tyr Leu Pro Gly Arg Asp Thr Ala
 3710 3715 3720
 Thr Ile Leu Ala Lys Met Cys Thr Arg Leu Asp Ser Ala Gly Glu
 3725 3730 3735
 Arg Gly Thr Ser Ser Tyr Glu Leu Ala Val Val Phe Ser Phe Leu
 3740 3745 3750
 Leu Met Tyr Ser Trp Asn Pro Ile Val Arg Arg Ile Cys Leu Leu
 3755 3760 3765
 Val Met Ala Thr Ile Gly Val Lys Asp Pro Asp Lys Ser Gly Thr
 3770 3775 3780
 Ile Phe Thr Phe Ser Gly Asp Pro Leu Gly Ala Tyr Lys Glu Val
 3785 3790 3795
 Ile Gly His Arg Leu Gly Gln Leu Lys Gln Thr Glu Phe Ser Lys
 3800 3805 3810
 Leu Ala Ser Cys Asn Leu Ser Met Ser Leu Leu Gly Ile Tyr Ser
 3815 3820 3825
 Arg His Thr Ser Lys Arg Ile Ile Glu Asp Cys Val Lys Ile Gly
 3830 3835 3840
 Thr Leu Asn Arg Gln Ser Pro Val Asn Ala Asp Arg Leu Ile Ala
 3845 3850 3855
 Lys Lys Thr Gly Phe Val Tyr Glu Pro Ser Arg Gly Ser Val Arg
 3860 3865 3870
 Val Gly Lys His Tyr Glu Glu Leu Glu Leu Asp Lys Trp Lys Lys
 3875 3880 3885
 Lys Thr Pro Leu Ile Glu Gly Ala Glu Arg Tyr Ile Pro Gly Pro
 3890 3895 3900
 Ile Lys Thr Phe Ile Leu Lys Arg Leu Lys Val Leu Gln Met Ile
 3905 3910 3915

5 <210> 4
 <211> 182
 <212> БІЛОК
 <213> Свиный пестивірус
 <400> 4

```

Met Glu Phe Lys Ile Leu Asn Asn Thr Lys Lys Lys Asn Asn Asn Glu
1          5          10          15

Glu Glu Ala Glu Gly Asn Met Phe Trp Arg Met Tyr Arg Arg Pro Pro
20          25          30

Pro Gly Cys Tyr Glu Pro Thr Tyr Asn Leu Ser Gly Thr Pro Ser Phe
35          40          45

Gly Pro Met His Pro Pro Leu Arg Lys Gly Ser Thr Leu Arg Leu Pro
50          55          60

His Trp Arg Gly Ile Ala Thr Val Gly Cys Glu Leu Lys Asn Leu Pro
65          70          75          80

Arg Lys Gly Asp Cys Thr Lys Cys His Ala Asn Pro Thr Ser Gly Ile
85          90          95

Tyr Leu Asn Leu Gly Ala Val Phe Tyr Lys Asp Tyr Glu Gly Glu Val
100          105          110

Tyr His Arg Val Pro Leu Glu His Cys Glu Glu Gln Gln Arg Cys Glu
115          120          125

Val Val Lys Arg Val Gly Arg Met Thr Ala Ser Asp Gly Ser Leu Val
130          135          140

Gly Val Leu Val Cys Ser Asp Asp Cys Val Leu Phe Glu Arg Arg Arg
145          150          155          160

Gly Glu His Thr Val Leu Lys Trp Val Lys Asn Pro Ile Gly Ala Pro
165          170          175

Leu Trp Val Gln Ser Cys
180

```

5

```

<210> 5
<211> 101
<212> БЛОК
<213> Свиный пестивірус
<400> 5

```

10

Ser Asp Glu Lys Gly Ala Lys Pro Lys Asn Lys Ser Lys Gln Gln Asn
1 5 10 15

Asp Arg Met Ala Pro Gly Lys Met Val Thr Lys Pro Lys Glu Val Glu
20 25 30

Ala Asp Gln Lys Thr Arg Pro Pro Asp Ala Thr Ile Val Val Asp Gly
35 40 45

Gln Lys Tyr Gln Val Arg Lys Lys Gly Lys Ala Lys Pro Lys Thr Pro

50

55

60

Asp Gly Leu Tyr His Asn Lys Asn Lys Pro Glu Ala Ser Arg Lys Lys
65 70 75 80

Leu Glu Lys Ala Leu Leu Ala Trp Ala Val Ile Ala Ile Ile Leu Ile
85 90 95

Gln Gln Thr Thr Ala
100

5

<210> 6

<211> 221

<212> БЛОК

<213> Свиный пестивірус

<400> 6

10

```

Asn Asn Val Thr Gln Trp Asn Leu Trp Asp Asp Lys Asn Ala Thr Asp
1          5          10          15

Val His Ser Val Met His Gln Arg Gln Ile Lys Arg Ser Leu His Gly
20          25          30

Ile Trp Pro Gln Arg Ile Cys Lys Gly Val Pro Gly His Leu Ala Thr
35          40          45

Asp Tyr Glu Leu Lys Arg Ile Gln Gly Met Leu Asp Ala Ser Glu Lys
50          55          60

Thr Asn Phe Thr Cys Cys Arg Leu Gln Arg His Glu Trp Asn Lys His
65          70          75          80

Gly Trp Cys Asn Trp Tyr Asn Ile Asp Pro Trp Val Ala Ile Met Asn
85          90          95

Arg Thr Gln Ala Leu Leu Ser Ser Gly Gln Asn Phe Thr Glu Cys Ala
100         105         110

Val Thr Cys Arg Tyr Asp Thr Gln Gln Gln Ile Asn Ile Val Thr Gln
115         120         125

Ala Arg Met Thr Pro Thr Ile Leu Thr Gly Cys Lys Lys Asp Val Asn
130         135         140

Phe Ser Phe Ser Gly Glu Val Arg Thr Gly Pro Cys Asn Tyr Glu Leu
145         150         155         160

Lys Pro Glu Asp Leu Met Arg Ile Leu Asp His Thr Asn Cys Lys Asp
165         170         175

Phe Ser Tyr Phe Gly Glu Gly Leu Val Asp Asp Phe Thr Glu Ala Thr
180         185         190

Gln Lys Ile Arg Ser Ser Gly Tyr Arg Ala Leu Ser Trp Leu Gln Asp
195         200         205

Lys Leu Glu Lys Thr Lys Lys Lys Val Phe Gly Ala Glu
210         215         220

```

5 <210> 7
 <211> 198
 <212> БІЛОК
 <213> Свиный пестивірус
 <400> 7

10

```

Ala Thr Pro Tyr Cys Asn Val Thr Arg Arg Val Phe Asn Ile Ile Tyr
1          5          10          15

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

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

Pro Asn Leu Asp Tyr His Leu Ala Asp Phe Met Val Leu Gly Leu Val
          50          55          60

Ala Leu Ser Asp Phe Ala Pro Glu Thr Ala Ser Thr Ile Tyr Leu Val
          65          70          75          80

Leu His Tyr Trp Leu Pro Gln Ala Glu Val His Thr Leu Asp Thr Pro
          85          90          95

Leu Asp Thr Asn Lys Leu Asn Leu Thr Arg Asn Arg Gln Val Ser Ser
          100          105          110

Val Val Pro Asn Ser Ile Trp Leu Gly Gly Gln Leu Val Cys Val Lys
          115          120          125

Pro Arg Trp Trp Pro Tyr Ser Ala Glu Ile Thr Thr Val Ile Ser Gly
          130          135          140

Leu Thr Thr Val Thr Asp Leu Val Val Lys Thr Ile Glu Glu Leu Val
          145          150          155          160

Ser Leu Trp Thr Glu Ala Thr Ala Val Ala Phe Leu Ala Ala Leu Ile
          165          170          175

Lys Ile Phe Arg Gly Gln Pro Ile Gln Ala Leu Ala Trp Leu Ile Ile
          180          185          190

Ile Gly Gly Ala Gln Gly
          195

```

5 <210> 8
 <211> 375
 <212> БІЛОК
 <213> Свиный пестивірус
 <400> 8

10

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

```

Asp Gly Tyr Leu Arg Asn Val His Leu Trp Gly His Asp Thr Cys Val
    180                               185                               190

Ala Gly Asp Ile Ile Asn Gly Ser Gln Asp Asp Ser Val Thr Lys Cys
    195                               200                               205

Lys Trp Cys Gly Tyr Glu Phe Asn Ser Ala Thr Asp Leu Pro Asp Tyr
    210                               215                               220

Pro Ile Gly Tyr Cys Thr Lys Arg Gly Thr Asn Tyr Leu Ile Arg Tyr
    225                               230                               235                               240

Lys Gln Val Pro Cys Glu Val Gly Gly Val Arg Ile Gly Ser Gly Lys
    245                               250                               255

Val Glu Cys Thr Ile Gly Ser Thr Arg Val Lys Val Glu Gln Thr Ser
    260                               265                               270

Asn Glu Leu Gly Pro Met Pro Cys Lys Pro Ile Val Tyr Ser Ser Gln
    275                               280                               285

Gly Pro Pro Asn Pro Lys Thr Cys Thr Phe Lys Trp Ser Tyr Thr Leu
    290                               295                               300

Asn Asn Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg Asp Glu Phe Phe Gln Gln Tyr Ile
    305                               310                               315                               320

Thr Ser Gly Gly Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Thr Ala Lys Asp His
    325                               330                               335

Val Met Asp Trp Val Thr Arg Tyr Phe Pro Ile Ile Val Val Ala Leu
    340                               345                               350

Leu Gly Gly Arg Ala Val Leu Trp Ile Leu Ile Ala Tyr Glu Leu Leu
    355                               360                               365

Asn His Tyr Gln Val Gly Ala
    370                               375

```

5 <210> 9
 <211> 75
 <212> БЛОК
 <213> Свиный пестивірус
 <400> 9

10

Asp Gln Asn Thr Leu Leu Gln Ala Glu Ala Leu Val Ile Gly Asn Ile

```

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

```

<210> 10
 <211> 456
 <212> БЛОК
 <213> Свинячий пестивірус
 <400> 10

```

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

```

Pro Ile Leu Met Ser Tyr Leu Thr Leu Trp Val Asp Ile Leu Met Leu
 145 150 155 160
 Leu Val Leu Leu Pro Trp Tyr Glu Leu Ile Lys Val Tyr Tyr Leu Lys
 165 170 175
 Lys Lys Lys Asp Asp Ile Glu Asp Cys Phe Gln Tyr Ser Gly Ile Ala
 180 185 190
 Thr Gln Gly Leu Ser Pro Tyr Asn Gln Asp Phe Val Asp Pro Lys Glu
 195 200 205
 Gly Val His Leu Ile Pro Ser Gln Asn Lys Ser Asn Phe Thr Arg Thr
 210 215 220
 Ala Tyr Leu Thr Ile Leu Arg Ala Leu Val Leu Thr Ala Phe Ser Ser
 225 230 235 240
 Ile Trp Lys Pro Leu Ile Leu Ala Glu Leu Leu Leu Glu Ser Ile Tyr
 245 250 255
 Trp Thr His Ile Lys Val Ala Lys Glu Val Ala Gly Ser Thr Arg Leu
 260 265 270
 Ile Gly Arg Phe Val Ala Ala Leu Ile Glu Leu Asn Trp Val Phe Asp
 275 280 285
 Asp Lys Glu Ala Ala Arg Tyr Lys Lys Phe Phe Val Leu Thr Ser Arg
 290 295 300
 Val Arg Asp Leu Met Val Lys His Lys Val Gln Asn Asp Thr Met Arg
 305 310 315 320
 Gln Trp Phe Gln Gln Thr Glu Ile Phe Gly Leu Gln Lys Val Ala Leu
 325 330 335
 Val Val Arg Ala His Ser Leu Thr Ala Asp Ser Asn Ser Ile Leu Cys
 340 345 350
 Ser Val Cys Glu Glu Lys Gln Asn Ile Glu Ala Lys Arg Val Cys Pro
 355 360 365
 Lys Cys Gly Asn Arg Gly Thr Gly Ile Lys Cys Gly Met Thr Leu Ala
 370 375 380
 Glu Phe Glu Glu Lys Tyr Tyr Lys Lys Ile Tyr Leu Val Asp Gly Asp
 385 390 395 400

Asn Thr Gln Ala Tyr Arg Arg Glu Glu Arg Gly Glu Val Thr Tyr Thr
405 410 415

Ala Arg Gly Ala Phe Phe Leu Arg Asn Leu Pro Ile Leu Ala Thr Lys
420 425 430

Asn Lys Tyr Ile Leu Val Gly Asn Leu Gly Met Glu Leu Gln Asp Leu
435 440 445

Glu Ser Met Gly Trp Ile Ile Arg
450 455

5 <210> 11
<211> 683
<212> БІЛОК
<213> Свиный пестивірус
<400> 11

Gly Pro Ala Val Cys Lys Lys Ile Val His His Glu Arg Cys Arg Pro
1 5 10 15

Thr Ile Pro Asp Lys Leu Met Ala Phe Phe Gly Leu Met Pro Arg Gly
20 25 30

Val Val Pro Arg Ala Pro Thr Arg Phe Pro Val Ser Leu Leu Lys Ile
35 40 45

Lys Arg Gly Phe Glu Thr Gly Trp Ala Tyr Thr His Pro Gly Gly Ile
50 55 60

Ser Ser Val Met His Val Thr Ala Gly Leu Asp Met Tyr Val Asn Asp
65 70 75 80

Ala Met Gly Arg Thr Lys Val Gln Cys Gln Glu Arg Asn Lys Leu Thr
85 90 95

Asp Glu Cys Glu Tyr Gly Ile Lys Thr Asp Ser Gly Cys Ser Glu Gly
100 105 110

Ala Arg Cys Tyr Val Ile Asn Pro Glu Ala Val Asn Ile Ala Gly Thr
115 120 125

Arg Gly Ala Met Val His Leu Arg Lys Thr Gly Pro Glu Phe Thr Cys
130 135 140

Val Thr Ala Gln Gly Thr Pro Ala Phe Tyr Asn Leu Arg Asn Leu Lys

10

145		150		155		160
Gly Trp Ser Gly Leu Pro Ile Phe Glu Ala Ala Thr Gly Arg Val Val						
		165		170		175
Gly Arg Val Lys Ala Gly Lys Asn Ala Glu Asp Ser Pro Thr Thr Ile						
		180		185		190
Met Ser Gly Thr Gln Ala Ala Lys Pro Thr Glu Cys Asp Leu Glu Ser						
		195		200		205
Val Val Arg Lys Leu Glu Thr Met Asn Arg Gly Glu Phe Lys Gln Val						
		210		215		220
Val Leu Ala Thr Gly Ala Gly Lys Thr Thr Glu Leu Pro Arg Lys Leu						
		225		230		235
Ile Glu Ala Val Gly Arg His Lys Arg Val Leu Val Leu Ile Pro Leu						
		245		250		255
Arg Ala Ala Ala Glu Gly Val Tyr Asn Tyr Met Arg Thr Lys His Pro						
		260		265		270
Ser Ile Ala Phe Asn Leu Arg Ile Gly Asp Leu Lys Glu Gly Asp Met						
		275		280		285
Ala Thr Gly Ile Thr Tyr Ala Ser Tyr Gly Tyr Phe Cys Gln Met Asp						
		290		295		300
Met Pro Arg Leu Asp Ala Ala Met Lys Glu Tyr Asn Tyr Ile Phe Leu						
		305		310		315
Asp Glu Tyr His Cys Ala Thr Pro Glu Gln Leu Ala Val Met Ser Lys						
		325		330		335
Ile His Arg Ile Ser Ala Asp Leu Arg Val Val Ala Met Thr Ala Thr						
		340		345		350
Pro Ala Gly Ala Val Ser Lys Val Gly Gln Lys Phe Ser Ile Glu Glu						
		355		360		365
Val Val Val Pro Glu Val Met Lys Gly Glu Asp Leu Gly Glu Asp Tyr						
		370		375		380
Leu Asp Ile Ala Gly Leu Lys Ile Pro Lys Ser Glu Leu Gln Gly Asn						
		385		390		395
						400

Val Leu Thr Phe Val Pro Thr Lys Lys Leu Ala Ser Asp Thr Ala Lys
405 410 415

Lys Leu Thr Thr Gln Gly Tyr Asn Ala Gly Tyr Tyr Phe Ser Gly Glu
420 425 430

Asp Pro Ser Ser Leu Arg Thr Ile Thr Ser Lys Ser Pro Tyr Ile Ile
435 440 445

Ile Ala Thr Asn Ala Ile Glu Ser Gly Val Thr Leu Pro Asp Leu Asp
450 455 460

Thr Val Ile Asp Thr Gly Met Lys Cys Glu Lys Arg Val Arg Ile Glu
465 470 475 480

Asn Lys Ala Pro Tyr Ile Ile Thr Gly Leu Lys Arg Met Ala Ile Thr
485 490 495

Thr Gly Glu Gln Ala Gln Arg Lys Gly Arg Val Gly Arg Val Lys Pro
500 505 510

Gly Arg Tyr Leu Arg Gly Pro Glu Asn Ala Gly Gly Glu Arg Asp Tyr
515 520 525

His Tyr Asp Leu Leu Gln Ala Gln Arg Tyr Gly Leu Gln Asp Ala Ile
530 535 540

Asn Ile Thr Lys Ser Phe Arg Glu Met Asn Tyr Asp Trp Ala Leu Tyr
545 550 555 560

Glu Glu Asp Pro Leu Arg Ile Thr Gln Leu Glu Val Leu Asn Thr Leu
565 570 575

Leu Ile Ser Lys Asp Leu Pro Thr Val Thr Lys Asn Leu Met Thr Arg
580 585 590

Thr Thr His Pro Glu Pro Ile Gln Leu Ala Tyr Asn Ser Ile Glu Thr
595 600 605

Pro Val Pro Val Leu Phe Pro Lys Val Lys Gly Gly Glu Val Thr Asp
610 615 620

Ala Tyr Glu Thr Tyr Glu Leu Met Met Cys Arg Lys Leu Asp Asn Asp
625 630 635 640

Pro Pro Ile Tyr Leu Tyr Ala Thr Glu Asp Glu Asp Leu Ala Val Asp

645 650 655

Leu Leu Asn Leu Lys Trp Pro Ala Val Ser Thr Ala Ser Ala Ile Glu
660 665 670

Thr Glu Asp Ala Leu Asn Lys Leu Ser Gly Leu
675 680

<210> 12
<211> 63
<212> БИОК
<213> Свиный нестивирус
<400> 12

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

Tyr Glu Ala Leu Val Lys Arg His Ile Pro Ile Val Thr Asp Ile Tyr
20 25 30

Thr Ile Glu Asp Glu Lys Leu Glu Asp Thr Thr His Leu Gln Tyr Ser
35 40 45

Pro Asp Glu Leu Gln Asn Thr Glu Thr Val Glu Leu Lys Asp Leu
50 55 60

<210> 13
<211> 347
<212> БИОК
<213> Свиный нестивирус
<400> 13

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

Lys Asp Ala Phe Glu Phe Val Lys Ser Gln Val Glu Lys Leu Pro Asp
20 25 30

Thr Lys Ile Tyr Lys Gln Val Gln Glu Lys Ser Pro Gly Leu Leu Glu
35 40 45

Lys Phe Leu Ala Tyr Leu Ser Glu His Ser Ser Asp Ile Lys Lys Tyr
50 55 60

Gly Leu Trp Gly Val His Thr Ser Leu Tyr Asn Ser Ile Lys Glu Arg
65 70 75 80

Leu Gly His Glu Thr Ala Phe Ala Ser Leu Ile Ile Lys Trp Ile Ala

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

Gly Leu Asp Lys Asp Ser Lys Trp Arg Asp Leu
340 345

<210> 14
<211> 504
<212> БІЛОК
<213> Свинячий пептидазис

<400> 14

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

Thr Lys Ile Leu Arg Asn Thr Thr Lys Ser Leu Ile Lys Ser Leu Leu
20 25 30

Pro Ala Pro Phe Ser Cys Thr Arg Phe Thr Arg Asp Asn Arg Ile Gly
35 40 45

Trp Pro His Leu Asn Phe Asp Tyr Tyr Glu Ile Asn Cys Ala Cys Gly
50 55 60

Tyr Arg Arg Arg Val Val Lys Thr Val Ile Asp Pro Val Thr Trp Glu
65 70 75 80

Thr Leu Glu Glu Glu Gly Pro Glu Phe Cys Phe Asn Arg Gly Thr Asn
85 90 95

Ala Leu Ala Asn Pro Arg Val Ala Ser Tyr Tyr Ser Ala Gly Glu Pro
100 105 110

Val Leu Pro Val Val Lys Arg Glu Gly Val Gly Glu Ile Leu Val Arg
115 120 125

Gly Val Thr Ile Gln Met His Tyr Asp His Asn Lys Ile Leu Ala Thr
130 135 140

Asp Asn Trp Gln Val Pro Phe Gln Ala Val Thr Lys Ile Phe Thr Asp
145 150 155 160

Tyr Gln Gly Ile Gly Tyr Gln Glu Ala Tyr Leu Gly Thr Gln Pro Asn
165 170 175

Tyr Lys Ala Leu Val Lys Arg Ser Ser Val Thr Ile Thr Lys Glu Gly
180 185 190

Leu Lys Phe Ile Arg Cys Lys Lys Gly Ile Ala Tyr Thr Thr Asn Leu
195 200 205

Asn	Leu	Thr	His	Ile	Gln	Lys	Leu	Val	Gln	Val	Cys	Arg	Met	Asn	Glu	210	215	220
Leu	Gln	Glu	Gly	Val	Ile	Pro	Glu	Thr	Leu	Asp	Gly	Asp	Thr	Trp	Ile	225	230	235
Asn	Tyr	Met	Ala	Ile	Ile	Glu	Asp	Val	Gly	Ala	Thr	Lys	Pro	Ser	Leu	245	250	255
Glu	Arg	Glu	Ser	Tyr	Pro	Lys	Pro	Tyr	Glu	Glu	Asp	Pro	Leu	Glu	Gly	260	265	270
Pro	Ser	Val	Ile	Val	Glu	Thr	Gly	Asp	Val	Asp	Ile	Thr	Lys	Val	Gly	275	280	285
Val	Asn	Gln	Gln	Ser	Ser	Ser	Ser	Gly	Thr	Val	Phe	Gln	Val	Val	Glu	290	295	300
Lys	Ile	Tyr	Thr	Lys	Leu	Val	Asn	Thr	Asn	Val	Ile	Lys	Ile	Gly	Phe	305	310	315
Lys	Glu	Gly	Cys	Phe	Pro	Gly	Pro	Thr	Lys	Asn	Val	Asn	Ser	Leu	Asn	325	330	335
Glu	His	Ile	Glu	Asp	Lys	Asp	Ser	Lys	Pro	Tyr	Ile	Phe	Ile	Cys	Ser	340	345	350
Ser	Asp	Lys	Ala	Met	Ser	Asn	Arg	Val	Lys	Thr	Ala	Arg	Asn	Ile	Lys	355	360	365
Lys	Leu	Asn	Thr	Asn	Ser	Ala	Ile	Val	Ala	Arg	Asn	Leu	Ala	Arg	Glu	370	375	380
Gly	Lys	Leu	Ile	Ile	Ile	Val	Leu	Gly	Glu	Lys	Tyr	His	Glu	Asp	Ile	385	390	395
Tyr	Lys	His	Ala	Asp	Phe	Lys	Gly	Thr	Phe	Leu	Asp	Arg	Lys	Ala	Leu	405	410	415
Glu	Ala	Leu	Ser	Lys	Ala	Lys	Pro	Val	Lys	Lys	Asn	Met	Thr	Arg	Arg	420	425	430
Glu	Ala	Gln	Tyr	Leu	Leu	Glu	Lys	Lys	Leu	Ser	Glu	Asp	Ile	Glu	Val	435	440	445

Pro Glu Trp Leu Gly Ser Glu Lys Pro Met Phe Leu Asp Val Thr Lys
450 455 460

Ser Gly Glu Thr Tyr His Leu Leu Gly Asp Leu Asn His Leu Lys Ala
465 470 475 480

Gln Ala Glu Gln Leu Gly Ala Lys Ala Thr Thr Thr Ile Asn Lys Val
485 490 495

Gly Lys Thr Tyr Thr Met Asn Leu
500

<210> 15
<211> 718
<212> БИОК
<213> Свиный пептидолиз

<400> 15

Ser Thr Trp Trp Glu Ser Glu Arg Thr Pro Thr Phe Arg Pro Leu Phe
1 5 10 15

Gln Glu Leu Leu Leu Arg Cys Arg Pro Cys Thr Arg Glu Glu Tyr Lys
20 25 30

Ser Cys His Phe Val Gly Ala Thr Gln Leu Ala Gly Gly Asn Trp Lys
35 40 45

Pro Val Ala Pro Val Val His Leu Gly Thr Ile Pro Ala Lys Arg Glu
50 55 60

Lys Cys Leu Pro Tyr Glu Ala Tyr Ile Ser Leu Lys Asn Met Val Glu
65 70 75 80

Asn Leu Lys Ile Glu Asn Pro Gly Val Cys Lys Lys Lys His Gln Trp
85 90 95

Leu Leu Asn Lys Ile Lys Lys Gln Gly Glu Leu Gly Leu Lys Asn Leu
100 105 110

Val Ser Pro Gly Ser Val Gly Gly Ser Arg Gly Tyr Arg Lys Lys Glu
115 120 125

Phe Asn Ile Tyr Asn Lys Gln Ile Thr Ser Thr Met Leu Ala Val Gly
130 135 140

Ile Lys Pro Glu Lys Phe Pro Val Val Arg Ala Gln Thr Ser Lys Arg
145 150 155 160

Glu Phe His Gln Ala Ile Arg Glu Lys Ile Asp Lys Leu Pro Asn Pro
 165 170 175
 Gln Asn Arg Asp Leu His Lys Glu Leu Lys Glu Ile Phe Asp Ser Val
 180 185 190
 Cys Ala Val Lys Asp Leu Lys His Thr Tyr Glu Glu Val Ser Trp Asp
 195 200 205
 Val Leu Thr Val Gly Ile Asn Arg Lys Gly Ala Ala Gly Tyr Phe Glu
 210 215 220
 Lys Lys Asn Val Gly Glu Ile Ile Asp Thr Asp Arg Arg Gly Val Glu
 225 230 235 240
 Lys Leu Ile Lys Val Met Lys Thr Gly Gly Pro Ile Asp Tyr Tyr Glu
 245 250 255
 Thr Ala Ile Pro Lys Asn Glu Lys Arg Ala Val Val Asp Asp Trp Leu
 260 265 270
 Glu Gly Asp Phe Val Glu Glu Lys Lys Pro Arg Val Ile Gln Tyr Pro
 275 280 285
 Glu Ala Lys Met Arg Leu Ala Ile Thr Lys Val Met Tyr Asn Trp Val
 290 295 300
 Lys Gln Lys Pro Val Val Ile Pro Gly Tyr Glu Gly Lys Thr Pro Leu
 305 310 315 320
 Phe Lys Val Phe Asp Lys Val Phe Asp Glu Trp Lys Gln Leu Arg Asp
 325 330 335
 Pro Val Ala Val Ser Phe Asp Thr Lys Ala Trp Asp Thr Gln Val Thr
 340 345 350
 Pro Glu Asp Leu Gln Leu Ile Ser Glu Ile Gln Lys Tyr Tyr Phe Lys
 355 360 365
 Pro Lys Tyr His Lys Phe Ile Glu Thr Leu Thr Ala Glu Met Lys Glu
 370 375 380
 Val Pro Val Val Cys Gln Asp Gly Glu Val Tyr Ile Arg Leu Gly Gln
 385 390 395 400
 Arg Gly Ser Gly Gln Pro Asp Thr Ser Ala Gly Asn Ser Met Leu Asn

405										410					415				
Val	Leu	Thr	Met	Ile	Tyr	Ala	Phe	Cys	Lys	Ser	Asn	Asp	Ile	Pro	Tyr				
			420					425					430						
Lys	Ala	Phe	Arg	Arg	Val	Ala	Lys	Ile	His	Val	Cys	Gly	Asp	Asp	Gly				
		435					440					445							
Phe	Leu	Ile	Thr	Glu	Arg	Arg	Leu	Gly	Glu	Asn	Phe	Ala	Ala	Met	Gly				
	450					455					460								
Pro	Gln	Ile	Leu	Met	Glu	Ala	Gly	Lys	Pro	Gln	Lys	Leu	Val	Gly	Glu				
465					470					475					480				
Met	Gly	Leu	Lys	Leu	Ala	Tyr	Lys	Phe	Gln	Asp	Ile	Glu	Phe	Cys	Ser				
			485						490					495					
His	Thr	Pro	Ile	Gln	Val	Arg	Trp	Asp	Asp	Asn	Thr	Thr	Ser	Tyr	Leu				
			500					505					510						
Pro	Gly	Arg	Asp	Thr	Ala	Thr	Ile	Leu	Ala	Lys	Met	Cys	Thr	Arg	Leu				
		515					520					525							
Asp	Ser	Ala	Gly	Glu	Arg	Gly	Thr	Ser	Ser	Tyr	Glu	Leu	Ala	Val	Val				
	530					535					540								
Phe	Ser	Phe	Leu	Leu	Met	Tyr	Ser	Trp	Asn	Pro	Ile	Val	Arg	Arg	Ile				
545					550				555						560				
Cys	Leu	Leu	Val	Met	Ala	Thr	Ile	Gly	Val	Lys	Asp	Pro	Asp	Lys	Ser				
				565					570					575					
Gly	Thr	Ile	Phe	Thr	Phe	Ser	Gly	Asp	Pro	Leu	Gly	Ala	Tyr	Lys	Glu				
		580					585						590						
Val	Ile	Gly	His	Arg	Leu	Gly	Gln	Leu	Lys	Gln	Thr	Glu	Phe	Ser	Lys				
		595					600					605							
Leu	Ala	Ser	Cys	Asn	Leu	Ser	Met	Ser	Leu	Leu	Gly	Ile	Tyr	Ser	Arg				
	610					615					620								
His	Thr	Ser	Lys	Arg	Ile	Ile	Glu	Asp	Cys	Val	Lys	Ile	Gly	Thr	Leu				
625					630					635					640				
Asn	Arg	Gln	Ser	Pro	Val	Asn	Ala	Asp	Arg	Leu	Ile	Ala	Lys	Lys	Thr				
				645					650					655					

Gly Phe Val Tyr Glu Pro Ser Arg Gly Ser Val Arg Val Gly Lys His
660 665 670

Tyr Glu Glu Leu Glu Leu Asp Lys Trp Lys Lys Lys Thr Pro Leu Ile
675 680 685

Glu Gly Ala Glu Arg Tyr Ile Pro Gly Pro Ile Lys Thr Phe Ile Leu
690 695 700

Lys Arg Leu Lys Val Leu Gln Met Ile Gly Leu Lys Phe Phe
705 710 715

<210> 16
<211> 381
5 <212> ДНК
<213> Свиный пестivirus
<400> 16
gtatagcagc agtagctcaa ggctgtata cgattggaca taccaaattc caattggtgt 60
tagggaccac ctaggtaga gccgacgaca gtagccatt cctgttagta ggacgaaccg 120
10 ttatggtgga ctggttgctc aggtgagcag gctgcaatgc gtaagtgtg agtacaccac 180
agccgtcaaa ggtgccactg gtaaggatca cccactggcg atgcctgtg gacgggggcg 240
tgcccaacgc aatgttagcg gtggcggggg ctgccatcg gaaagctagg tcttgatgga 300
cctgtgtgcc tgtacagtct gataggatgc cggcggatgc cctgtgacag ccagtataaa 360
gaatatccgt tgtgattgca c 381
15 <210> 17
<211> 546
<212> ДНК
<213> Свиный пестivirus
<400> 17
20 atggagtta aaattctcaa caacacaaag aaaaaaata ataatgagga ggaagctgag 60
gggaacatgt tctggcggat gtaccgaaga cctccgcctg gttgctacga accaacttac 120
aacctaagtg ggacacctag ctccggacc ctcacccac cactgaggaa agggagtaca 180
ttacgtttac cccactggag aggcatagcc acggttgat gtgagcttaa aaacctgcca 240
cgcaaggggt attgtactaa gtgccacgt aaccaacat ctggcatcta cctcaacctg 300
25 ggtgcggtgt ttataaaga ttacgagggg gaggtatacc atagagtccc cctgaacac 360
tgtgaggaac agcagaggtg cgaagtcgtc aagcgtgtg ggagaatgac tgctagcgat 420
ggatccttg tgggagtgct agtatgcagt gacgactgcg tgctgttga gagaagaaga 480
ggggaacaca cagtgttgaa gtgggtaaag aaccctatcg gggcgccact ctgggtacag 540
agctgc 546
30 <210> 18
<211> 303
<212> ДНК
<213> Свиный пестivirus
<400> 18
35 tccgacgaga agggggccaa accaaaaaac aagtctaaac aacaaaacga tcgaatggca 60
ccgggtaaaa tggtagaaaa acctaaggaa gtggaagctg atcagaaaac tagaccgcca 120
gacgtacaaa ttgtggtgga tggacagaaa tatcaagtaa ggaagaaagg gaaggcaaaa 180
сaaagacac cagatggcct gtaccacaat aaaaacaagc cggaggcatc tagaaagaaa 240
ttagaaaaag cgctactagc ttgggcagtc attgcaataa tattgattca gcagaccaca 300
40 gca 303
<210> 19
<211> 663
<212> ДНК
<213> Свиный пестivirus
45 <400> 19
aacaatgtga cgcagtggaa ctgtgggac gacaagaacg caacagatgt gcactcagtg 60
atgcatcaga gacaaatcaa gcgcagcctc cagggcatct ggctgaaag aatctgcaaa 120

ggggtccag gtcactggc tactgactat gagctaaaac ggatagaggg gatgttggat 180
 gccagcgaag aaactaatc tacctgtgc aggctgcaa gacacgaatg gaacaaacat 240
 ggctggtgta actggtacaa tatagacccc tgggtcgcca ttatgaacag gacccaagcc 300
 ctctatcta gtggccaaaa cttacagag tgtgccgta catgtaggta tgacacagaa 360
 5 cagcagataa acatagtaac tcaagcccgc atgacaccaa cgatttaac aggggtgaag 420
 aaggacgtaa acttctctt ctcaggggag gtgaggactg ggccttgcaa ctatgaactg 480
 aagccagaag acttaatgag gattctggac cataccaact gcaaagattt cagctatttc 540
 ggagaaggtc tgggtgatga ttacacagaa gccacggaag aaattagatc tagtgggtac 600
 agggccctgt cgtggctgca agacaagcta gaaaaacta agaagaaggt gttggagct 660
 10 gaa 663
 <210> 20
 <211> 594
 <212> ДНК
 <213> Свиный пестivirus
 15 <400> 20
 gcaacacat actgcaatgt gacaaggagg gtttcaaca tcatacac caacaactgc 60
 acccccgtg gactgccaga taacacgagg atagtgggc caggacatt tgacatcagt 120
 gaaatgaaa aaaaaaact gttaccaac ttgactacc acttggcaga ttcatggta 180
 ctgggcttag tggctttatc cgactttgcc ccagaaactg ctagtacaat ctatctgta 240
 20 ttgactact ggctgctca ggcagagggt catacattgg acacccact tgacaccaac 300
 aagctgaatc taacaaggaa caggcaggtt agtagttag tcctaattc aatatggtg 360
 ggagggcagc tgggtgctg caagccaagg tggggccct actcagcaga aattacaaca 420
 gtgattagcg gactgaccac tgtaaccgac ctagtggta agaccataga ggaactgtg 480
 agcttggga cagaggcaac agcagtagcc ttctggcag cctgataaa gatctcaga 540
 25 ggacaacca tacaagcact agcatggctc ataataatag ggggagccca ggg 594
 <210> 21
 <211> 1125
 <212> ДНК
 <213> Свиный пестivirus
 30 <400> 21
 ctgaatgca acttgaact gcaatacgt ctggccggga acacatccat gagcctacta 60
 gggccaactg ccttaagac tcaatggtac caagcggcag acgggtcaa aataacggat 120
 ggggtagtaa ctgtgatag caacaagggc atttctcgg tgaactcctag gtgcaaagag 180
 gcacctgaa ggtacctggc aatcaaccac ccaggtcct tatcaaccag tgcttggtc 240
 35 aagaaaatac acgacccggc agaccatcg actgagacac tgatgggcga aaagggaagg 300
 gcatacctct gcccttgcg ggctacacca ctacaaaaa ccaagggtcc gtttaacca 360
 atcacaatac aaggttcggc gttctccta acatgccc aaactggca aggtgacata 420
 gaatgcaatc tcttaagccc agacacacta gcaattgaaa ccatatacac ctcagaaaa 480
 cataagccat acaaagaaga accctactgc tcgtacacta aggtagtga cgggtactg 540
 40 cgcaactgac acctatggg gcatgataca tgtgtggcag gagatataat caatggcagt 600
 caagatgaca gtgtgaccaa gtgcaaatg tgtgggtatg agttcaattc agcaactgac 660
 ttactgact acccaattgg ttactgcagc aagcaggga ccaattatc aatcaggtag 720
 aagcaggtag ctgtgaggt agggaggatc cgcacgggt caggaaaagt agagtgtacc 780
 attggctcca cgagagtaaa agtagaaca accagtaatg agttgggtcc gatgccctgc 840
 45 aagccaatag tatattcatc tcaaggaccg cctaatacaa aaactgtac attcaaatg 900
 agctacacat taacaacaa gtactacgag ccaagggatg aattctcca acagtacata 960
 acctcagggt gctatcagta ttggttgac ctgacagcaa aagatcacgt gatggattg 1020
 gtaacacgat actcccat tatagtta gcaactggt gggtagagc agtgctgtg 1080
 atcctaattg cgtacgagtt gctaaatcac taccaagtgg gcgca 1125
 50 <210> 22
 <211> 225
 <212> ДНК
 <213> Свиный пестivirus
 <400> 22
 55 gaccagaaca cattgctgca ggccgaagca ctagtgatg gtaacatcct gatgacaaga 60
 gacctggaag tgatggtgtg cttctgtg ctgatggtc tgataagaag acagcaggct 120
 agaagggtt tggccttgg ttccattgg atggtaatgc atccgccc atcagccatc 180
 gcaacattg tgatgtaat aggcacgtg agagctgaag aggga 225
 <210> 23
 60 <211> 1368

<212> ДНК

<213> Свинячий пестивірус

<400> 23

5 caggtaaact ctgacagttc tacgaagca cagctggttg ccatittgtt gtttctaatt 60
taccacacac taaaagaaag ggaccttcac acagctatga cattactgtt gacattttcc 120
ataaagagca ctgactatgt agacacacat tattatgaaa taccgatgct ctfcacagtt 180
atttcgttgg tcatttccat ttacatattc aacatacaca taaaaaccaa gtgggtagct 240
ctgggtgtca gtatggtggg catggtcacc ttataagggt gcccttgggt gatcaggaac 300
atacaaataa ccccccttc cataccacta acatacatca gtccaaaaat attgatcata 360
10 gcttacctgg ttctctgac tgtcttgggt aataacaacc tagacctcgc cagctacgtg 420
atcagggctg gcccgatact aatgtcctac ttaactttat ggggtggacat cctgatgttg 480
ctagttctac taccttggta tgaattgatt aaagtctatt acctaaagaa gaagaaagac 540
gacatagaag actgcttcca atacagcggg atagccactc aagggttatt cccgtacaat 600
caggacttgc tggacccaaa agagggggta cacttgatcc cctcacaaaa caagagcaat 660
15 ttaccccgga ccgcatatct gactatctcg agggccctag ttctcacagc ttccagcagc 720
atttgaagc ctctaactct agccgaactg ctattggaat ccatttattg gacacacatc 780
aaagttgcaa aagaagtggc gggatctacg aggcctatag gtaggtttgt agcggccctg 840
atagaactaa attgggtttt tgatgacaag gaagcagcaa gatacaaaaa attctttgtt 900
ttaacctcaa gagtgagaga cctcatggta aaacacaagg tgcagaacga cacaatgagg 960
20 cagtggtttg aagagacgga aatatccgcg ttacaaaaag ttgccttgggt ggtcagagca 1020
cactcactga cagcagacag caacagtata ctatgctcag tgtgtgagga aaacagaac 1080
atagaagcca agaggggtat tcccaagtg ggaacacag gaacaggaat caagtgcggg 1140
atgaccttgg ctgagtttga agaaaaatat tacaaaaaga tctatctagt ggaatggagac 1200
aatagcgaag catatgcgag agaggagaga ggagaagtca cgtacacagc taggggcgcc 1260
25 ttcttcttga ggaacttacc cattctggcc acaaaaaaca agtatatact ggtaggttaac 1320
ttaggtatgg aattacaaga ccttgagtcc atgggggtga ttatcagg 1368

<210> 24

<211> 2049

<212> ДНК

30 <213> Свинячий пестивірус

<400> 24

ggccagctg tctgcaaaaa gatagtgcac catgaacgct gcaggccac catccctgat 60
aaacttatgg ctttcttgg gctcatgcca agaggcgtag tccccgggc accaaccgc 120
ttccctgat cactactgaa aatlaaaagg ggttcgaaa cgggtgaggc atatacacac 180
cctggaggga tcagcagcgt aatgcattga acagcaggct tggacattga cgtcaatgat 240
gccatgggta gaaccaaggt gcagtgccaa gagagaaaca agctgacaga cgaattgtag 300
tatggcatta aaactgactc aggctgctct gaaggggcac gctgctatgt aataaatccc 360
gaagcgtca acatagcagg caccaggggc gctatggtac acctcagaaa aacagggtcca 420
gaatttacct gtgtgacagc ccaagggaacc ccagccttct acaattttag gaattctaaa 480
ggttggtag ggctaccaat attcagggca gctacgggaa ggggtgtagg cagagtga 540
gcaggcaaga atgcagagga tagtccaaca actataatgt ctggcaccca ggcagccaaa 600
ccgacagagt gtgacctgga gtcggctgta aggaagctgg aaacatgaa cagaggggag 660
ttcaagcagg tgggtctagc aactggggca ggaagacaa cagaactgcc aaggaagcta 720
atagaagccg tggggcggca caagagggtt ttatgtctaa tccccctgag agcagcagca 780
gaggggggtt ataactatat gagaacaaa catccaagca tagcattcaa cctgaggata 840
ggggacttaa aagaaggaga catggcaact ggtataactt atgctcata tggttatttt 900
tgtcaaatgg acatgccacg gctagatgca gctatgaagg agtacaacta catattctg 960
gacgaatac attgtcaac accagagcaa ttggctgtga tgtcaaaaat acacaggatc 1020
agtgtgacc taagagtgtt ggcatgaca gctaccctg caggcgctgt gtcaaagggt 1080
ggccagaaat tctccataga agaagtgtg gtgccagagg taatgaaagg ggaagaccta 1140
ggcgaggatt atttgacat agccggacta aaaataccaa aatcggaact acaagggaat 1200
gtttaacgt ttgtccgac aaaaaagttg gcgtcagaca ctgctaagaa actaaccacc 1260
cagggtaca acgtgggta ttactttagt ggtgaagacc caagctcgct gcgcaccata 1320
acatcaaaa ccccgatcat cataatagcc accaatgcaa tagagttagg ggtgacatta 1380
ccagacctag acacagtaat tgacacaggg atgaagtgtg aaaagagggt gagaatagag 1440
aacaaggctc catatafaat aacaggccta aaaagaattg ccatcaccac agggggagcaa 1500
gccagagga agggaagagt aggtagatgc aaaccaggga gatacctaag agggcctgaa 1560
aatgcagggt gagagagaga ttatcactat gacctgtctc aggcacaacg ttatgggctc 1620
caggatgcta tcaacatcac caaatcattc agggagatga actatgactg ggcactctat 1680
gaggaagacc cactgagaat aacacaattg gaggtattaa ataccctact catatccaaa 1740

gatctgccaa cagtcacaaa gaatttgatg accaggacca cacacccaga accaattcaa 1800
 ttagcttaca atagcataga aacccccgtc ccagtgtgtg tcccgaaagt gaaggggtgga 1860
 gaggtgaccg atgcttatga gacctatgaa ctgatgatgt gtcggaagct ggataacgac 1920
 cccccgattt atctgtatgc cacggaagat gaagacctag cagtggacct cctgaacctg 1980
 5 aaatggcccg cagtgtcaac agcctcggcc atagaacag aggacgcctt caacaagtta 2040
 tcggggctt 2049
 <210> 25
 <211> 189
 <212> ДНК
 10 <213> Свинячий пестивірус
 <400> 25
 tcggcagggg aaacagccct gctagtggct ctgctaggtt gggctcggta cgaggctctg 60
 gtgaaaagac acatccaat agtgactgac atatatacaa ttgaagatga aaaacttgag 120
 gacaccaccc acctccagta ttaccagat gaactgcaaa acaccgagac agtggagctg 180
 15 aaagacctg 189
 <210> 26
 <211> 1041
 <212> ДНК
 <213> Свинячий пестивірус
 20 <400> 26
 tcggcacacg aactgaaaga agccctggaa agcggaaaaa gttatgtcaa agacgccttt 60
 gaattcgtaa aatcacaggt tgagaagctc cccgacacaa aaatttaca gcaagtccaa 120
 gagaagtcac ccggctcttt agaaaaattt ttggcctatc tgtcagaaca cagtgtgac 180
 ataaagaaat atggattgtg ggggggtccat acctctctgt acaatagtat caaagagaga 240
 25 ttggggcacc aaactgcctt cgcttcattg atcatcaagt gtagatgatt ttccagcgaa 300
 gggctgcctg gaatgggtgaa acaagctgct gtagacttgg tggatatatta tctgatcaac 360
 aaaccagatt tcaaggtga caaagacacc caagatgatg gaaggaagtt ctaggagacc 420
 ctgtctgtgt cagctctggc caattacaca tttaaaaatt ttaataagtc aacacttgaa 480
 ggcttagtaa tgccagcatt gaactaccta ccatatgcag gggctgcact aaaaatattt 540
 30 gtgcctacta aattagagag cttagtaata ctgtcaacaa ccatctacag gacctacctc 600
 tccattaaga aaggctctag tcaaggactg gctgggttag cagtgtgctc aggtatggaa 660
 attatgaatc agaattccat atcagtggcc attgcggtgg cattgggagt cggtgccata 720
 gctgcacaca atgcgatcga gagcagcgag gcaaagagga ccctgttgat gaaggtattt 780
 gtgaaaaact ttctagacca ggcagcgaca gacgagctgg taaaagagaa cccagaaaaa 840
 35 ataataatgg cagtatttga agcaatccag acagcaggta atccaataag gctaataac 900
 cacctatatg ccatgttcta caaaggttgg aacgcctccc agatagcaga taagacagcg 960
 gggaggaaca tattcgtgct gacaatatc gaggggttag aactgttggg actagacaag 1020
 gattccaagt ggagggattt g 1041
 <210> 27
 40 <211> 1512
 <212> ДНК
 <213> Свинячий пестивірус
 <400> 27
 agctcaaat atttagtga tgcaatcagg aagctcattg aaaaattgac taaaatactc 60
 45 агааасасса ссаагсатт аатсаатсс ttgtgccag ctccattctc ttgcacgaga 120
 ttcaaaagag асаасагаат тggatggcca catttaaatt ttgattatta cgagataaat 180
 ttgtcatgtg ggtaccggag gagagtggta aaaactgtca tcgaccagct cacctgggag 240
 actttggaag aagaaggccc tgagtctgc ttcaacaggg ggactaacgc cctggcaaac 300
 ccaagagtgt caagtatta ctgagctgga gagccagttc tccagtggt aaaaagagag 360
 50 ggggttggcg aaatcctggt aaggggggtg acaatccaga tgcattatga ccacaacaag 420
 atactcgcca ctgacaactg gcaagtgcc a ttccaggcag tgacgaagat atttacagat 480
 taccagggca tagggtagca agaagcatat ctgggaaccc agccaaacta caaagcactg 540
 gtgaagaggt catccgtcac gattacaaaa gaaggcctga aatttataag atgcaagaaa 600
 gggatcgctg ataccgcaa tctaaactta acccacatcc aaaagctggt gcaggtgtgc 660
 55 agaattgaatg aattgcaaga aggcgtcata cctgagacct tggatggcga cacctggatt 720
 aactacatgg caatcatcga agatgtgggg gccacaaaac caagcttga gagagagtca 780
 taccgaaaac catacgagga ggatccctc gaaggcccca gtgtgatcgt ggaaacaggg 840
 gacgtggaca tcacaaaagt gggcgtaaат caacaatcca gtcatcagg aaccgtcttt 900
 caagtagtgg agaagatcta tactaaactg gtcaatacaa atgtaataaa gataggattc 960
 60 aaagaaggct gtttccggg acccacaag aatgtgaatt cattgaatga gcacatagaa 1020

gataaagaca gtaaaccata catcttcata tgctcttccg acaaagcaat gtccaacaga 1080
 gtaaagactg caaggaacat taagaaactc aacacaaatt cggaatagt agcccgtaat 1140
 ttggccaggg aagggaatt gatcataata gtactaggag agaagtacca tgggacatc 1200
 tacaacatg ctgacttcaa ggggacttfc ctgcacagga aggcactgga agccctgtcc 1260
 5 aaggccaagc ctgtaaaaaa gaacatgact aggagagagg ctcaataict gctggaaaag 1320
 aagcttagtg aagacataga ggtaccagaa tggctgggat ctgaaaaacc tatgttttg 1380
 gatgtaacca aaagtgggta aacataccat ctgttagggg atctaaatca ctggaaggca 1440
 caagcggaac aacttggtgc caaggcaacc actacaataa ataaagtagg gaagacgtat 1500
 acaatgaacc tc 1512
 10 <210> 28
 <211> 2154
 <212> ДНК
 <213> Свинячий пестивірус
 <400> 28
 15 agtacatggt gggagagtga aagaaccccc acattcagac ccctgttcca ggaactgctg 60
 ttacgtgca gggcatgac tagggaggag tataagagct gccatttgt aggggctaca 120
 caattggccg gaggaactg gaaaccagta gcccctgtgg tgcacctagg aactatacca 180
 gcaaaaagag agaaatgcct gccatatgaa gcataatat cacttaagaa tatggtggaa 240
 aacctaaaaa tagagaatcc tggagtgtgc aagaagaaac atcagtggct cttaaataaa 300
 20 attaaaaaac aagggaatt aggcctgaag aatctcgtat ctctggggag ttagggggga 360
 tcacgtggtt acagaaagaa agaattcaac atttacaaca aacagattac gagcacaatg 420
 ctggctgtgg ggaatcaagc agagaagttt ccagtcgtca gagctcaaac gtccaagaga 480
 gaattccatc aagcaattag agagaagatt gataagctgc ccaaccccc gaatagggac 540
 ctccataagg aactgaaaga aatatttgac tcggtgtgctg ctgtaaaaga ttgaaacat 600
 25 acctacgaag aagtcagctg ggaatgactg acggtgggga tcaacaggaa aggagcagct 660
 ggctatttcg aaaagaagaa tgtgggtgag ataatagaca ctgacaggag aggggtcgag 720
 aaactatca agtaatgaa aaccggggga cctatagact actatgagac agcaatacct 780
 aagaatgaga agagagcagt ttagatgac tggctggaag gagatttctg tgaagagaaa 840
 aagccacgag tgatccaata cccagaagca aaaatgcgtt tggcaataac caaagttatg 900
 30 tacaattggg tcaagcaaaa accagtgtg ataccgggt acgaggggaa gacaccttg 960
 tttaagtgt ttgataaggt ttgtatgaa tggaaacaac tgagagaccg ggttcagtc 1020
 agtttcgaca cttaagcatg ggatacaca gtgacacctg aggacttaca attgatatcg 1080
 gaaatccaaa agtattactt taaacaaaa taccacaaat ttattgaaac attgactgctg 1140
 gagatgaaag aagtgccagt cgtgtgccag gatggggagg ttacatcag gctaggacag 1200
 35 agaggaagtg gccagccaga taccagtga ggaatagca tgttgaatgt gttgacaatg 1260
 atatatgctt ttgcaaatc caatgacatc ccgtacaagg cattccgaag ggtggcaaaa 1320
 atacacgtct gtggcgacga tgggttccta attacagaga ggcgcctagg agagaacttt 1380
 gctgcgatgg ggccacaaat actgatgga gccgggaaac cacagaaact gtaggagag 1440
 atgggactga agctagccta caagttccag gacatagagt tctgtccca cagcctata 1500
 40 caagtaaggt gggatgacaa cacaactagt tattaccag gcagagacac ggcaaccatc 1560
 ttagcaaga tgtgtaccag gctggactcc gcaggggagc ggggtaccag ttctatgaa 1620
 ctgtctgtt ttttaggtt cctcctaag tactcctgga acccaatagt tagaaggatc 1680
 tgcctattag ttatggcaac aatcgagta aaagaccag ataaatcagg aacaatattc 1740
 accttctct gagaccact aggggcgtac aaggaagtaa taggacaccg attgggcaa 1800
 45 ctaaaacaaa ctgaatttc aaaattggca agttgcaatt tatcaatgtc actgttaggg 1860
 atttacagta ggcacacct aaaaagaatc atagaggact gtgtgaagat tggaaacctc 1920
 aaccgacaga gcccgtgaa tgcagatcgc ttgatagca agaagactgg tttgtatac 1980
 gaaccgtcaa ggggcagtgt taggttgga aaacactatg aagaattgga attggacaaa 2040
 tggaaaaaga agacgccact catagaagg gcggaagggt acattccagg cccgattaag 2100
 50 accttatac tgaagaagact caaagtgtta cagatgatg gcctgaaatt ctic 2154
 <210> 29
 <211> 464
 <212> ДНК
 <213> Свинячий пестивірус
 <400> 29
 55 taatatatag ggagtacagg ttacagctgt gttcacaga aagtgggtgg cgacacttac 60
 ctctggagcc aacttgtaa taggttagta atatttatt aatagacgtt atttacttat 120
 ttatttatt attgattat ttattaatta ttaaaaaacg ctactgcatg agctggtag 180
 tcagctatg aaagtgggt gtgtcactg cgtcaggagc aaataacctc ataacaacgc 240
 60 taccacatag cctgagacca ggttgtaaa gagagttgcg cctctgcgt tgggagctat 300

ctacctcaag taccagctg ctgaagctgg ttacctcaat tccaatggat gaccgtagcc 360
attggtctta ttaattcggg cattataat tagcacttta aagctaattg ggacataaag 420
taaggacgtc ctagggagga ctacttacag ttccaagagg cccc 464
<210> 30
5 <211> 4
<212> БЛОК
<213> Свинячий пестивірус
<400> 30
10 Met Glu Phe Lys
1
<210> 31
<211> 4
<212> БЛОК
15 <213> Свинячий пестивірус
<400> 31
Ser Cys Ser Asp
1
<210> 32
20 <211> 20
<212> БЛОК
<213> Штучна послідовність
<220>
<223> Праймер
25 <400> 32

Gly Thr Lys Ala Thr His Cys Ala Ala Thr Ala Cys Cys Cys Thr Gly
1 5 10 15

Ala Arg Gly Cys
20

<210> 33
30 <211> 19
<212> БЛОК
<213> Штучна послідовність
<220>
<223> Праймер
35 <400> 33

Gly Gly Arg Thr Thr Cys Cys Ala Gly Gly Ala Arg Thr Ala Cys Ala
1 5 10 15

Thr Cys Ala

<210> 34
40 <211> 20
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність
<220>
<223> Праймер
45 <400> 34
ggccacgcgt cgactagtag 20
<210> 35
<211> 20
<212> ДНК
50 <213> Штучна послідовність
<220>

5

<223> Праймер
 <400> 35
 ggccacgcgt cgactagtac 20
 <210> 36
 <211> 381
 <212> БЛОК
 <213> Вирус Bungowannah E2
 <400> 36

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

10

Lys Gly Ile Leu Tyr Ser Cys Lys Phe Gly Gly Asn Ser Thr Cys Ile
180 185 190

Lys Gly Leu Ile Val Lys Gly Gln Arg Glu Asp Lys Val Arg Tyr Cys
195 200 205

Glu Trp Cys Gly Tyr Lys Phe Ser Ser Pro Asn Gly Leu Pro Gln Tyr
210 215 220

Pro Leu Gly Leu Cys Glu Lys Glu Gln Ser Glu Gly Leu Arg Asp Tyr
225 230 235 240

Gly Asp Phe Pro Cys Cys Asn Asn Gly Thr Cys Ile Asp Lys Glu Gly
245 250 255

Ser Val Gln Cys Tyr Ile Gly Asp Lys Lys Val Thr Val Lys Leu Tyr
260 265 270

Asn Ala Ser Leu Leu Ala Pro Met Pro Cys Lys Pro Ile Val Tyr Asn
275 280 285

Ser Gln Gly Pro Pro Ala Pro Lys Thr Cys Thr Tyr Arg Trp Ala Ser
290 295 300

Thr Leu Glu Asn Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg Asp Ser Tyr Tyr Gln Gln
305 310 315 320

Tyr Ile Ile Lys Ser Gly Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Thr Ala Lys
325 330 335

Asp His Val Ala Asp Trp Ile Thr Lys Tyr Phe Pro Ile Ile Ile Val
340 345 350

Ala Leu Leu Gly Gly Arg Gly Thr Leu Trp Val Leu Ile Ala Tyr Glu
355 360 365

Leu Leu Thr Gln Tyr Glu Val Val Gly Asp Glu Asn Ile
370 375 380

- 5 <210> 37
<211> 371
<212> БЛОК
<213> Пестивірус вилорогу E2
<400> 37

10

Leu Glu Cys Asp Thr Asn Phe Gln Tyr Ala Leu Ala Lys Gly Thr Lys

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

Gly Phe Lys Val Arg Val Asp Arg Ser Asp Thr Thr Asn Glu Leu Leu
260 265 270

Pro Met Pro Cys Asn Pro Ile Lys Val Gly Ser Gln Gly Pro Val Ser
275 280 285

Arg Ala Ala Cys Thr Tyr Asn Tyr Ser Gln Val Leu Arg Asn Ser Tyr
290 295 300

Tyr Glu Glu Arg Asp Lys Phe Trp Gln Gln Tyr Met Ile Lys Asp Gly
305 310 315 320

Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Gln Ala Asp Asp His His Lys Asn Trp
325 330 335

Phe Asn Glu Phe Leu Val Val Val Val Val Ala Leu Leu Gly Gly Arg
340 345 350

Tyr Ile Leu Trp Leu Ile Ile Ile Tyr Met Thr Leu Thr Tyr Tyr Pro
355 360 365

Asp Asp Ala
370

<210> 38
<211> 374
<212> ELMON
<213> Нестандартная структура E2

<400> 38

Ala Ile Thr Cys Glu Pro Glu Tyr Gln Tyr Ala Leu Ala Arg Ser Lys
1 5 10 15

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

Tyr Lys Phe Asp Leu Lys Ile Gln Asp Pro Leu Val Met Val Tyr Cys
35 40 45

Lys Asn Asp Gln Phe Phe Val Gly Lys Arg Cys Lys Ala Gly Glu Ala
50 55 60

Arg Tyr Leu Ala Lys Ile His Trp Arg Ala Leu Pro Thr Ser Val Val
65 70 75 80

Phe Glu Lys Val Leu Glu Glu Asn Pro Pro Glu Glu Leu Pro Leu Glu
85 90 95

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

Lys Asp Tyr Phe Ala Glu Phe Leu Val Ile Ala Val Val Ala Leu Leu
 340 345 350
 Gly Gly Arg Tyr Val Leu Trp Leu Leu Val Thr Tyr Phe Val Ile Thr
 355 360 365
 Glu Gln Glu Ala Ser Gly
 370
 <210> 39
 <211> 373
 <212> BLJOK
 <213> BDV E2
 <400> 39
 Gln Phe Ala Cys Arg Glu Asp Tyr Arg Tyr Ala Leu Ala Arg Thr Lys
 1 5 10 15
 Glu Ile Gly Ala Leu Gly Ala Glu Ser Leu Thr Thr Thr Trp Thr Asp
 20 25 30
 Tyr Arg Gly Asn Leu Glu Leu Asp Asp Gly Thr Val Arg Ala Thr Cys
 35 40 45
 Ser Arg Gly Phe Phe Arg Phe Arg Gly His Cys Met Ile Gly Pro Arg
 50 55 60
 Tyr Leu Ala Ser Leu His Leu Arg Ala Leu Pro Thr Ser Val Thr Phe
 65 70 75 80
 Glu Leu Ile Pro Gly Gly Ser Ala Met Thr Glu Glu Glu Met Gly Asp
 85 90 95
 Asp Phe Glu Phe Gly Leu Cys Pro Cys Asp Ser Arg Pro Val Val Lys
 100 105 110
 Gly Lys Tyr Asn Thr Thr Leu Leu Asn Gly Ser Ala Phe Gln Leu Ile
 115 120 125
 Cys Pro Tyr Gly Trp Val Gly Arg Val Glu Cys Thr Thr Val Ser Lys
 130 135 140
 Ser Thr Leu Ala Thr Glu Val Val Lys Ile Tyr Lys Lys Thr Lys Pro
 145 150 155 160
 Phe Pro Gln Arg Val Gly Cys Asp His Thr Thr Val Tyr Lys Gln Asp
 165 170 175

Leu Tyr His Cys Gln Met Gly Gly Asn Trp Thr Cys Met Arg Gly Glu
180 185 190

Val Val Lys Tyr Val Gly Gly Pro Val Lys Lys Cys Glu Trp Cys Gly
195 200 205

Tyr Val Phe Lys Lys Arg Glu Gly Leu Pro His Tyr Pro Ile Gly Arg
210 215 220

Cys Met Leu Arg Asn Glu Thr Gly Tyr Arg Ser Val Asp Asp Thr Pro
225 230 235 240

Cys Asp Arg Gly Gly Val Val Ile Ser Lys Thr Gly Glu Leu Glu Cys
245 250 255

Leu Ile Gly Lys Thr Thr Val Lys Val Phe Ser Ser Asp Lys Lys Leu
260 265 270

Gly Pro Met Pro Cys Arg Pro Lys Glu Val Ile Ser Ser Glu Gly Pro
275 280 285

Val Ser Lys Ile Ala Cys Thr Phe Asn Tyr Ser Lys Thr Leu Glu Asn
290 295 300

Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg Asp Ser Tyr Phe Gln Gln Tyr Met Leu Lys
305 310 315 320

Gly Gln Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Glu Ala Thr Asp His His Ser
325 330 335

Asp Tyr Phe Ala Glu Phe Ile Met Leu Ala Val Val Ala Leu Leu Gly
340 345 350

Gly Arg Tyr Val Leu Trp Leu Met Val Val Tyr Met Ile Leu Ala Asp
355 360 365

<210> 40
<211> 373
<212> БИЛОК
<213> Нестивирус оленя E2

<400> 40

Gln Phe Ser Cys Arg Glu Gly Tyr Arg Tyr Ala Leu Ala Lys Thr Lys
1 5 10 15

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

Leu Ile Gly Lys Thr Thr Val Lys Val Tyr Ser Ser Asn Asp Lys Leu
260 265 270

Gly Ala Met Pro Cys Lys Pro Lys Glu Ile Ile Ser Ser Glu Gly Pro
275 280 285

Ile Ser Lys Thr Ala Cys Thr Phe Asn Tyr Ser Lys Thr Leu Lys Asn
290 295 300

Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg Asp Ser Tyr Phe Gln Gln Tyr Met Leu Lys
305 310 315 320

Gly Glu Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Asp Ala Thr Asp His His Thr
325 330 335

Asp Tyr Phe Ala Glu Phe Ile Val Leu Ala Val Val Ala Leu Leu Gly
340 345 350

Gly Arg Tyr Val Leu Trp Leu Leu Val Ile Tyr Thr Val Leu Thr Glu
355 360 365

Gln Met Ala Ala Ala
370

<210> 41
<211> 373
<212> ELMOR
<213> Секретарьский ЕЗ

<400> 41

Gln Phe Thr Cys Glu Lys Asn Tyr Arg Tyr Ala Ile Ala Lys Thr Thr
1 5 10 15

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

Tyr Lys Asn Asn Phe Gln Leu Asp Asp Gly Leu Leu Arg Ala Val Cys
35 40 45

Lys Ser Gly Phe Phe Thr Phe Arg Phe His Cys Asp Met Gly Thr Arg
50 55 60

Tyr Leu Ala Lys Leu His Ala Gln Ala Leu Pro Thr Ser Val Val Phe
65 70 75 80

Glu Lys Val Gly Gln Gln Pro Gly Ala Arg Glu Ile Thr Met Glu Asp
85 90 95

```

Asn Phe Glu Phe Gly Leu Cys Pro Cys Asp Ser Lys Pro Val Val Lys
    100                      105                      110

Gly Lys Tyr Asn Ala Thr Leu Leu Asn Gly Ser Ala Phe Asn Leu Val
    115                      120                      125

Cys Pro Ile Gly Trp Thr Gly Val Val Glu Cys Thr Val Ile Ser Glu
    130                      135                      140

Ser Thr Leu His Thr Glu Val Val Lys Val Phe Arg Arg Asp Lys Pro
    145                      150                      155                      160

Phe Pro Ser Arg Lys Tyr Cys Val Asp Thr Lys Val Ile Gly Glu Asp
    165                      170                      175

Leu Phe His Cys Lys Leu Gly Gly Asn Trp Thr Cys Ile Pro Gly Glu
    180                      185                      190

Gln Val Ala Tyr Arg Gly Gly Gln Val Lys Asn Cys Lys Trp Cys Gly
    195                      200                      205

Phe Thr Phe Glu Thr Pro Glu Asp Leu Pro His Tyr Pro Ile Gly Lys
    210                      215                      220

Cys Val Leu Ser Asn Glu Thr Gly Tyr Arg Leu Val Asp Gly Thr Thr
    225                      230                      235                      240

Cys Asn Arg His Gly Val Ile Ile Asp Gln Thr Gly Ser His Glu Cys
    245                      250                      255

Leu Ile Gly Lys Thr Lys Ile Lys Val Tyr Pro Val Asp Asp Lys Leu
    260                      265                      270

Gly Pro Met Pro Cys Arg Pro Lys Glu Ile Ile Ser Ser Glu Gly Pro
    275                      280                      285

Ile Ser Lys Thr Ala Cys Thr Phe Asn Tyr Thr Lys Thr Leu Lys Asn
    290                      295                      300

Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg Asp Ser Tyr Phe Gln Gln Tyr Met Leu Lys
    305                      310                      315                      320

Gly Glu Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Asp Val Thr Asp His His Thr
    325                      330                      335

Asp Tyr Phe Ala Glu Phe Ile Val Val Val Val Val Ala Leu Leu Gly

```

```

340                               345                               350

Gly Arg Tyr Val Leu Trp Leu Met Val Val Tyr Ile Val Leu Thr Asp
355                               360                               365

Gln Met Ala Ser Gly
370

<210> 42
<211> 373
<212> BIMOK
<213> CSFV E2

<400> 42

Gln Leu Ala Cys Lys Glu Asp Tyr Arg Tyr Ala Ile Ser Ser Thr Asn
1                               5                               10                               15

Glu Ile Gly Leu Leu Gly Ala Gly Gly Leu Thr Thr Thr Trp Lys Glu
20                               25                               30

Tyr Asn His Asp Leu Gln Leu Asn Asp Gly Thr Val Lys Ala Ile Cys
35                               40                               45

Val Ala Gly Ser Phe Lys Val Thr Ala Leu Asn Val Val Ser Arg Arg
50                               55                               60

Tyr Leu Ala Ser Leu His Lys Glu Ala Leu Pro Thr Ser Val Thr Phe
65                               70                               75                               80

Glu Leu Leu Phe Asp Gly Thr Asn Pro Ser Thr Glu Glu Met Gly Asp
85                               90                               95

Asp Phe Gly Phe Gly Leu Cys Pro Phe Asp Thr Ser Pro Val Val Lys
100                              105                              110

Gly Lys Tyr Asn Thr Thr Leu Leu Asn Gly Ser Ala Phe Tyr Leu Val
115                              120                              125

Cys Pro Ile Gly Trp Thr Gly Val Ile Glu Cys Thr Ala Val Ser Pro
130                              135                              140

Thr Thr Leu Arg Thr Glu Val Val Lys Thr Phe Arg Arg Asp Lys Pro
145                              150                              155                              160

Phe Pro His Arg Met Asp Cys Val Thr Thr Thr Val Glu Asn Glu Asp
165                              170                              175

```

Leu Phe Tyr Cys Lys Leu Gly Gly Asn Trp Thr Cys Val Lys Gly Glu
 180 185 190
 Pro Val Val Tyr Thr Gly Gly Leu Val Lys Gln Cys Arg Trp Cys Gly
 195 200 205
 Phe Asp Phe Asn Glu Pro Asp Gly Leu Pro His Tyr Pro Ile Gly Lys
 210 215 220
 Cys Ile Leu Ala Asn Glu Thr Gly Tyr Arg Ile Val Asp Ser Thr Asp
 225 230 235 240
 Cys Asn Arg Asp Gly Val Val Ile Ser Thr Glu Gly Ser His Glu Cys
 245 250 255
 Leu Ile Gly Asn Thr Thr Val Lys Val His Ala Ser Asp Glu Arg Leu
 260 265 270
 Gly Pro Met Pro Cys Arg Pro Lys Glu Ile Val Ser Ser Ala Gly Pro
 275 280 285
 Val Arg Lys Thr Ser Cys Thr Phe Asn Tyr Ala Lys Thr Leu Lys Asn
 290 295 300
 Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg Asp Ser Tyr Phe Gln Gln Tyr Met Leu Lys
 305 310 315 320
 Gly Glu Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Asp Val Thr Asp Arg His Ser
 325 330 335
 Asp Tyr Phe Ala Glu Phe Val Val Leu Val Val Val Ala Leu Leu Gly
 340 345 350
 Gly Arg Tyr Ile Leu Trp Leu Ile Val Thr Tyr Ile Val Leu Thr Glu
 355 360 365
 Gln Leu Ala Ala Gly
 370

<210> 43
 <211> 374
 <212> B1MOK
 <213> BVDV-1 E2

<400> 43

His Leu Asp Cys Lys Pro Glu Phe Ser Tyr Ala Ile Ala Lys Asp Glu
 1 5 10 15

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

260	265	270
Leu Gly Pro Met Pro Cys Arg Pro Tyr Glu Ile Ile Ser Ser Glu Gly		
275	280	285
Pro Val Glu Lys Thr Ala Cys Thr Phe Asn Tyr Thr Lys Thr Leu Lys		
290	295	300
Asn Lys Tyr Phe Glu Pro Arg Asp Ser Tyr Phe Gln Gln Tyr Met Leu		
305	310	315
Lys Gly Glu Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Glu Val Thr Asp His His		
325	330	335
Arg Asp Tyr Phe Ala Glu Ser Ile Leu Val Val Val Val Ala Leu Leu		
340	345	350
Gly Gly Arg Tyr Val Leu Trp Leu Leu Val Thr Tyr Met Val Leu Ser		
355	360	365
Glu Gln Lys Ala Leu Gly		
370		
<210> 44		
<211> 372		
<212> B1HOK		
<213> BVDV-2 E2		
<400> 44		
Phe Pro Glu Cys Lys Glu Gly Phe Gln Tyr Ala Ile Ser Lys Asp Arg		
1	5	10
Lys Met Gly Leu Leu Gly Pro Glu Ser Leu Thr Thr Thr Trp His Arg		
20	25	30
Pro Thr Lys Lys Leu Val Asp Ser Met Val Gln Val Trp Cys Glu Gly		
35	40	45
Lys Asp Leu Lys Ile Leu Lys Thr Cys Pro Lys Glu Glu Arg Tyr Leu		
50	55	60
Val Ala Val His Glu Arg Ala Leu Ser Thr Ser Ala Glu Phe Met Pro		
65	70	75
Ile Ser Asp Gly Thr Ile Gly Pro Asp Val Ile Asp Met Pro Asp Asp		
85	90	95

Phe Glu Phe Gly Leu Cys Pro Cys Asp Ala Lys Pro Val Ile Lys Gly
 100 105 110
 Lys Phe Asn Ala Ser Leu Leu Asn Gly Pro Ala Phe Gln Met Val Cys
 115 120 125
 Pro Gln Gly Trp Thr Gly Thr Ile Glu Cys Thr Leu Ala Asn Gln Asp
 130 135 140
 Thr Leu Asp Thr Thr Val Val Arg Thr Tyr Arg Arg Thr Thr Pro Phe
 145 150 155 160
 Gln Arg Arg Lys Trp Cys Ser Tyr Glu Lys Ile Ile Gly Glu Asp Ile
 165 170 175
 His Glu Cys Ile Leu Gly Gly Asn Trp Thr Cys Ile Thr Gly Asp His
 180 185 190
 Ser Lys Leu Lys Asp Gly Pro Ile Lys Lys Cys Lys Trp Cys Gly Tyr
 195 200 205
 Asp Phe Val Asn Ser Glu Gly Leu Pro His Tyr Pro Ile Gly Lys Cys
 210 215 220
 Met Leu Ile Asn Glu Ser Gly Tyr Arg Tyr Val Asp Asp Thr Ser Cys
 225 230 235 240
 Asp Arg Gly Gly Val Ala Ile Val Pro Thr Gly Thr Val Lys Cys Arg
 245 250 255
 Ile Gly Asp Val Thr Val Gln Val Val Ala Ser Asn Asn Asp Leu Gly
 260 265 270
 Pro Met Pro Cys Ser Pro Ala Glu Val Ile Ala Ser Glu Gly Pro Val
 275 280 285
 Glu Lys Thr Ala Cys Thr Phe Asn Tyr Ser Arg Thr Leu Pro Asn Lys
 290 295 300
 Tyr Tyr Glu Pro Arg Asp Arg Tyr Phe Gln Gln Tyr Met Leu Lys Gly
 305 310 315 320
 Glu Trp Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Asp His Val Asp His His Lys Asp
 325 330 335
 Tyr Phe Ser Glu Phe Ile Ile Ile Ala Val Val Ala Leu Leu Gly Gly
 340 345 350

Lys Tyr Val Leu Trp Leu Leu Ile Thr Tyr Thr Ile Leu Ser Glu Gln
355 360 365

Met Ala Met Gly
370

<210> 45
<211> 372
<212> ELMOR
<213> BVDV-3 E2

<400> 45

Leu Ser Cys Lys Pro Glu Phe Gln Tyr Ala Ile Ser Glu Thr Asp Glu
1 5 10 15

Ile Asn Leu Leu Gly Pro Thr Gly Leu Thr Thr Thr Trp His Ala Tyr
20 25 30

Ser Glu Lys Leu His Ile Thr Asp Ser Ser Val Asp Leu Thr Cys Val
35 40 45

Asp Gly Asn Phe Leu Val Tyr Arg Arg Cys Val Arg Lys Arg Arg Tyr
50 55 60

Leu Ala Thr Val His Glu Arg Ala Leu Ser Thr Ser Val Arg Phe Thr
65 70 75 80

Leu Val Ala Asp Pro Gln Asp Leu Glu Asp Val Gln Met Gly Asp Asp
85 90 95

Phe Glu Phe Gly Leu Cys Pro Cys Asp Ser Val Pro Ile Ile Arg Gly
100 105 110

Lys Phe Asn Thr Thr Leu Leu Asn Gly Ser Ala Phe Gln Leu Val Cys
115 120 125

Pro Tyr Gly Trp Thr Gly Thr Ile Glu Cys Thr Val Val Ser Asp Ser
130 135 140

Thr Leu Lys Thr Gln Val Val Lys Arg Phe Ala Arg Tyr Lys Pro Phe
145 150 155 160

Pro His Arg Lys His Cys Met Asp Gln Met Val Val Gly Glu Asp Leu
165 170 175

Tyr Glu Cys Leu Tyr Gly Gly Asn Trp Thr Cys Ile Pro Gly Asp Arg

```

180              185              190

Val Leu Tyr Gln Gly Gly Glu Val Lys Asp Cys Lys Trp Cys Gly Phe
195              200              205

Thr Phe Glu Glu Pro Ser Asp Leu Pro His Phe Pro Leu Gly Lys Cys
210              215              220

Arg Leu Thr Asn Glu Thr Gly Tyr Arg Tyr Val Asp Asn Thr Thr Cys
225              230              235

Asp Arg Asp Gly Val Ala Ile Met Glu Gln Gly Thr Leu Lys Cys Lys
245              250              255

Ile Gly Lys Val Glu Val Arg Val Ser Ala Leu Asn Lys Asn Leu Gly
260              265              270

Pro Met Pro Cys Lys Pro Ser His Val Thr Gln Ser Glu Gly Pro Val
275              280              285

Ser Lys Thr Ala Cys Thr Phe Asn Trp Thr Glu Thr Leu Glu Asn Lys
290              295              300

Tyr Phe Glu Pro Arg Asp Asn Tyr Phe Gln Gln Tyr Met Leu Lys Gly
305              310              315

Lys Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Glu Ala Thr Asp His His Gln Asp
325              330              335

Tyr Phe Ala Glu Phe Ile Val Ile Ile Val Val Ala Leu Leu Gly Gly
340              345              350

Arg Tyr Val Leu Trp Leu Leu Ile Val Tyr Tyr Val Ala Thr Glu Gln
355              360              365

Gly Ala Arg Gly
370

<210> 46
<211> 379
<212> БІЛОК
<213> Нестійковий норвезького пацюка E2

<400> 46

Arg Tyr Asn Gln Val Lys Val Asp Arg Pro Asp Trp His Thr Leu Leu
1              5              10              15

```

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

Asn Phe Asn Glu Thr Ala Ile Ser Phe Met Pro Cys Asn Pro Ile Lys
275 280 285

Glu Ala Ser Arg Gly Pro Pro Ser Arg Thr Thr Cys Thr Tyr Lys Tyr
290 295 300

Ala Lys Thr Leu Lys Asn Lys Ile Tyr Asp Glu Lys Asp Arg Tyr Trp
305 310 315 320

Gly Gln Tyr Met Val Lys Gly Glu Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Glu
325 330 335

Gln Asp Asp His Val Thr Gly Gly Leu Leu Lys Tyr Leu Pro Leu Ile
340 345 350

Met Val Leu Leu Leu Gly Gly Lys Met Val Ala Trp Leu Leu Thr Ala
355 360 365

Tyr Tyr Leu Met Glu Val Val Glu Ala Thr Arg
370 375

<210> 47
<211> 246
<212> EINHOK
<213> Neorhynchops Rhinoclophus affinis E2

<400> 47

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

Lys Asn Thr Gly Asn Glu Val Thr Ala Tyr Asp Gly Thr Tyr Phe Val
20 25 30

Ile Thr Leu Lys Asp Glu Glu Pro Lys Leu Met Glu Lys Val Val Lys
35 40 45

Val Asn Gly Asn Ala Thr Lys Asp Glu Tyr Cys Tyr Gln Ala Ile Asn
50 55 60

Ile Thr Lys Trp Asn Arg Lys Pro Asp Lys Leu Arg Trp Cys Gly Gln
65 70 75 80

Thr Phe Pro Tyr Trp Leu Gly Asp Thr Val Asn Gly Glu Ala Tyr Phe
85 90 95

Gln Lys Gly Tyr Trp Val Asn Ile Thr Thr Glu Pro Asp Asn Cys Glu

```

100              105              110
Leu Arg Lys Gly Val Phe Leu Ser Lys Asn Gly Ala Val Ser Cys Thr
115              120              125
Arg Asn Gly Thr Arg Leu Val Leu Gln Leu Lys Asn Leu Asn Ser Thr
130              135              140
Asn Lys Glu Glu Ile Pro Cys Asp Pro Ile Glu Thr Ser Ser Leu Gly
145              150              155              160
Pro Ala Glu Asn Gly Ala Cys Val Tyr Thr Trp Ala Pro Ala Pro Glu
165              170              175
Gly Trp Tyr Tyr Asp Lys Lys Asp Asp Tyr Trp Leu Gln Tyr Val Lys
180              185              190
Lys Gly Gly Tyr Gln Tyr Trp Thr Gln Ile Pro Ser Leu Glu Ser Ser
195              200              205
Ala Asn Ile Tyr Arg His Leu Leu Pro Ile Leu Ile Ala Cys Leu Leu
210              215              220
Gly Gly Arg Leu Ser Val Trp Ile Leu Ala Met Ile Leu Ser Leu Gln
225              230              235              240
Val Glu Ala Ser Glu Val
245
<210> 48
<211> 243
<212> БИЛОК
<213> Свиный пестовирус
<400> 48
Ser Cys His Lys Arg Gln Asp Tyr Tyr Ser Ile Gln Leu Val Val Asp
1              5              10              15
Gly Lys Thr Gly Val Glu Lys Arg Ser Ile Val Gly Lys Trp Thr Val
20              25              30
Ile Thr Arg Glu Gly Arg Glu Pro Arg Leu Met Glu Gln Ile Ser Met
35              40              45
Val Ser Asn Asp Ser Leu Ser Glu Thr Tyr Cys Tyr Asn Arg Leu Asn
50              55              60

```


Thr Ser Ser Trp Gly Arg Gln Pro Ala Arg Gln Arg Gly Cys Gly Gln
65 70 75 80

Thr Val Pro Phe Trp Pro Gly Asp Asn Val Leu Glu Glu Gln Tyr Tyr
85 90 95

Ser Thr Gly Tyr Trp Val Asn Ala Thr Gly Gly Cys Gln Leu Arg Gln
100 105 110

Gly Val Trp Leu Ser Arg Lys Gly Asn Val Gln Cys Gln Arg Asn Gly
115 120 125

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

Glu Ile Pro Cys Asp Pro Val Glu Thr Glu Ser Met Gly Pro Val Thr
145 150 155 160

Gln Gly Thr Cys Val Tyr Ser Trp Ala Phe Ala Pro Arg Gly Trp Tyr
165 170 175

Tyr Asn Arg Lys Asp Gly Tyr Trp Leu Gln Tyr Val Lys Lys Asn Asp
180 185 190

Tyr Gln Tyr Trp Thr Lys Met Pro Thr Ala Ser Ser Ala Thr Thr Met
195 200 205

Tyr Arg His Leu Leu Pro Leu Leu Val Ala Cys Leu Met Gly Gly Arg
210 215 220

Ile Ser Val Trp Ile Val Ala Met Leu Leu Ser Leu Gln Val Glu Ala
225 230 235 240

Ser Glu Val

<210> 49

<211> 3897

<212> E110K

<213> Белкопротеин нестивірусу ендопера

<400> 49

Met Glu Val Val Glu Phe Leu Asn Leu His Lys Ile Gly Arg Gln Gly
1 5 10 15

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

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

275	280	285
Gly Ile Asn Arg Ser Leu His Gly Ile Trp Pro Gln Gln Ile Cys His		
290	295	300
Gly Ile Pro Ser Tyr Asn Pro Thr Asn Arg Glu Leu Ser Met Ile Val		
305	310	315 320
Gly Met Val Asp Ala Ser Ile Arg Thr Asn Tyr Thr Cys Cys Asn Leu		
	325	330 335
Gln Arg His Glu Trp Asn Lys His Gly Trp Cys Asn Trp Tyr Asn Ile		
	340	345 350
Ile Pro Trp Ile Lys Val Met Asn Tyr Ser Gln Arg Asn Leu Thr Glu		
	355	360 365
Gly Thr Tyr Gly Lys Glu Cys Ala Val Thr Cys Arg His Asp Ser Ile		
	370	375 380
Leu Asp Ile Asn Ile Val Thr Gln Ala Arg Asn Gln Pro Thr Met Leu		
	385	390 395 400
Thr Gly Cys Lys Ile Gly Lys Asn Phe Ser Phe Ser Gly Glu Ile Arg		
	405	410 415
Glu Lys Pro Cys Asn Tyr Asp Ile Gln Pro Glu Glu Ile Leu His Leu		
	420	425 430
Pro His Glu Cys Gly Glu Trp Tyr Ser Glu Ile Ser His Gln Ala Val		
	435	440 445
Asp Met Ile Thr Asn Gly Leu Glu Ala Ser Arg Asn Ser Ala Ala Lys		
	450	455 460
Val Leu Ser Trp Ile Gly Arg Lys Leu Glu Arg Ile Gly Lys Arg Ala		
	465	470 475 480
Gln Ala Lys Ser Lys Thr Trp Phe Gly Ala Gln Ala Ser Glu Val Tyr		
	485	490 495
Cys Lys Val Glu Lys Arg Val Gly Ser Leu Trp Tyr Thr Arg Asn Cys		
	500	505 510
Thr Pro Ala Cys Leu Pro Gly His Thr Glu Ile Leu Gly Ala Gly Val		
	515	520 525

Phe Asp Thr Asn Pro Gln Gly Arg Ser Leu Ile Pro Arg Leu Pro Gly
 530 535 540
 His Ile Thr Glu Ala Val Ile Leu Ser Leu Val Ala Leu Ser Glu Val
 545 550 555 560
 Met Pro Glu Thr Ser Ser Ala Leu Tyr Ile Ala Leu His Tyr Phe Leu
 565 570 575
 His Pro Met Asn Glu Thr Ile Gly Tyr Cys Asp Lys Asn Gln Leu Asn
 580 585 590
 Leu Thr Ile Thr Thr Thr Val Asp Lys Val Ile Pro Asn Ser Val Tyr
 595 600 605
 Val Leu Gly Gln Trp Val Cys Val Lys Pro Gly Trp Trp Pro Tyr Asp
 610 615 620
 Ser Glu Val Thr Leu Val Val Asn Glu Val Ile Asn Val Leu Asp Ile
 625 630 635 640
 Gly Gly Arg Ala Ala Arg Val Leu Leu Gln Val Trp Asp Ala Ala Thr
 645 650 655
 Ala Ile Ala Val Leu Ile Phe Ile Met Lys Val Ala Arg Gly Gln Leu
 660 665 670
 Ile Gln Gly Leu Ile Trp Leu Leu Leu Leu Thr Gly Thr Gln Ala Leu
 675 680 685
 Glu Cys Asp Thr Asn Phe Gln Tyr Ala Leu Ala Lys Gly Thr Lys Ile
 690 695 700
 Gly Pro Leu Gly Ala Glu Glu Leu Thr Thr Thr Tyr Arg Arg Leu Gln
 705 710 715 720
 Pro Gly Glu Gln Leu Thr Asp Gly Leu Val Thr Ile Thr Cys Thr Asn
 725 730 735
 His Asp Ile Ile Ile His Asp Gln Cys Ser Ile Glu Arg Arg Trp Ile
 740 745 750
 Ala Lys Ile His Pro Gln Ala Leu Pro Thr Ser Val Gln Phe Tyr Leu
 755 760 765
 Ala Ala Glu Pro Lys Glu Ala Pro Lys Ile Ile Glu Met Ser Asp Glu

770		775		780
Phe Glu Phe Ala Ile Cys Pro Cys Asp Ala Leu Pro Leu Val Lys Gly				
785		790		800
Asn Phe Asn Cys Thr Leu Thr Asn Ala Gln Ala Phe Gln Met Val Cys				
	805		810	815
Pro Tyr Gly Trp Val Gly Thr Ile Glu Cys Val Lys Tyr Ser Pro Thr				
	820		825	830
Thr Leu Ser Thr Thr Val Val Gln Val Tyr Lys Arg Gly Arg Pro Phe				
	835		840	845
Pro Arg Arg Arg His Cys Thr Thr Glu Glu Val Phe Gln Gly Asn Tyr				
	850		855	860
Tyr Thr Cys Glu Lys Gly Gly Asn Trp Thr Cys Gln Pro Gly His Ile				
865		870		875
Ser His Gly His Asn Ser Asp Glu Val Glu Glu Cys Glu Trp Cys Gly				
	885		890	895
Phe Arg Ser Leu Lys Pro Ser Ala Lys Leu Gly Arg Cys Ile Arg Arg				
	900		905	910
Gly Glu Lys Ala His Arg Leu Tyr Asp Thr Arg Pro Cys Lys Glu Lys				
	915		920	925
Ala Phe Thr Phe Ser Pro Ala Gly Glu Val Glu Cys Leu Leu Gly Gly				
	930		935	940
Phe Lys Val Arg Val Asp Arg Ser Asp Thr Thr Asn Glu Leu Leu Pro				
945		950		955
Met Pro Cys Asn Pro Ile Lys Val Gly Ser Gln Gly Pro Val Ser Arg				
	965		970	975
Ala Ala Cys Thr Tyr Asn Tyr Ser Gln Val Leu Arg Asn Ser Tyr Tyr				
	980		985	990
Glu Glu Arg Asp Lys Phe Trp Gln Gln Tyr Met Ile Lys Asp Gly Tyr				
	995		1000	1005
Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Glu Ala Asp Asp His His Lys Asn Trp				
1010		1015		1020

Phe Asn	Glu Phe	Leu Val	Val Val	Val Val	Ala Leu	Leu Gly	Gly
1025			1030			1035	
Arg Tyr	Ile Leu	Trp Leu	Ile Ile	Ile Tyr	Met Thr	Leu Thr	Tyr
1040			1045			1050	
Tyr Pro	Asp Asp	Ala Ala	Leu Val	Asn Thr	Gly Asp	Thr Val	Ala
1055			1060			1065	
Ile Gly	Asn Ile	Leu Phe	Ser Asn	Asn Phe	Glu Val	Val Ser	Tyr
1070			1075			1080	
Phe Leu	Leu Ile	Tyr Val	Leu Leu	Lys Asn	Glu Pro	Ser Lys	Arg
1085			1090			1095	
Trp Val	Ile Leu	Leu Tyr	His Thr	Leu Val	Gln His	Pro Leu	Lys
1100			1105			1110	
Thr Leu	Thr Ala	Leu Thr	Leu Thr	Val Val	Asp Met	Val Lys	Gly
1115			1120			1125	
Asp Thr	Asn Glu	Thr Ser	Ala Asn	Gln Tyr	Asp Phe	Met Pro	Met
1130			1135			1140	
Ala Ala	Leu Val	Val Ala	Gly Leu	Val Ser	Leu Lys	Val Arg	Asp
1145			1150			1155	
Phe Ser	Leu Ile	Pro Ala	Leu Val	Leu Thr	Leu Ala	Thr Asn	Thr
1160			1165			1170	
Leu His	Leu Cys	Asn Asn	Met Gln	Ala Asp	Val Thr	Ile Cys	Ile
1175			1180			1185	
Leu Leu	Thr Leu	Val Val	Leu Trp	Thr Tyr	Ile Thr	Pro Cys	Phe
1190			1195			1200	
Lys Tyr	Ser Arg	Val Phe	Arg Leu	Val Val	Ser Leu	Leu Tyr	Leu
1205			1210			1215	
Val Phe	Leu Val	Arg Ala	Leu Ser	His Ile	Gly Ser	Ile His	Thr
1220			1225			1230	
Pro Ala	Ile Glu	Leu Pro	Arg Val	Arg Pro	Ile Val	Ile Ile	Leu
1235			1240			1245	
Ser Tyr	Phe Thr	Met Thr	Val Leu	Ala Val	Asn Val	Asn Ile	Asp

1250	1255	1260
Val Ala Ser Thr Ile Leu Ser	Ile Thr Pro Thr Ile	Met Thr Leu
1265	1270	1275
Cys Thr Leu Trp Ala Asp Met	Leu Thr Val Leu Val	Val Leu Pro
1280	1285	1290
Ser Tyr Glu Val Thr Lys Leu	Tyr Tyr Leu Glu Lys	Val Lys Glu
1295	1300	1305
Asn Glu Thr Lys Pro Trp Val	Arg Phe Gly Leu Lys	Lys Val Lys
1310	1315	1320
Ile Lys Thr Leu Gly Glu Ile	Glu Arg Glu Leu Val	Asp Gly Lys
1325	1330	1335
Glu Lys Val Phe Glu Leu Pro	Ser Leu Ser Thr Gly	Asn Ser Glu
1340	1345	1350
Lys Ser Ser Leu Val Ser Ile	Val Arg Cys Cys Leu	Ile Ala Cys
1355	1360	1365
Val Ser Ser His Trp Arg Ser	Phe Tyr Leu Leu Tyr	Leu Ile Leu
1370	1375	1380
Glu Leu Ser Tyr Trp Ala His	Ser Arg Ile Ile Lys	Glu Val Ala
1385	1390	1395
Gly Ser Thr Asn Trp Leu Ser	Arg Thr Ile Ala Thr	Met Ile Glu
1400	1405	1410
Met Asn Trp Val Met Asp Ser	Asp Asp Val Lys Gly	Leu Lys Lys
1415	1420	1425
Phe Phe Ile Leu Ser Gly Arg	Phe Arg Asp Leu Met	Leu Lys His
1430	1435	1440
Lys Val Ala Asn Asp Arg Ile	Arg Asp Trp Tyr Ser	Glu Gly Glu
1445	1450	1455
Val Phe Gly Met Pro Lys Ile	Leu Tyr Ile Thr Lys	Ile Ala Ser
1460	1465	1470
Leu Ser Asn Ser Asn Gln His	Met Val Cys Thr Val	Cys Glu Thr
1475	1480	1485

Arg Ala	Trp Val	Asn Arg	Arg Ser	Thr Cys	Pro Lys	Cys Gly	Gly
1490			1495			1500	
Leu Gly	Pro Pro	Val Lys	Cys Gly	Met Ser	Leu Ala	Asp Phe	Glu
1505			1510			1515	
Gln Lys	Lys Tyr	Lys Arg	Ile Phe	Ile Arg	Glu Phe	Asp Glu	Pro
1520			1525			1530	
Gly Thr	Phe Arg	Glu Glu	Gln Asp	Gly Tyr	Leu Ala	Tyr Thr	Ala
1535			1540			1545	
Lys Gly	Ser Leu	Phe Leu	Arg Asn	Leu Pro	Ile Leu	Ala Thr	Lys
1550			1555			1560	
Met Lys	Met Val	Met Val	Gly Asn	Leu Gly	Ser Glu	Leu Ser	Asp
1565			1570			1575	
Leu Glu	His Leu	Gly Trp	Ile Leu	Arg Gly	Pro Ala	Val Cys	Lys
1580			1585			1590	
Lys Ile	Val Cys	His Glu	Lys Thr	Lys Pro	Thr Val	Met Asp	Lys
1595			1600			1605	
Leu Ser	Cys Phe	Phe Gly	Leu Met	Pro Arg	Gly Ser	Thr Pro	Arg
1610			1615			1620	
Ala Pro	Val Arg	Phe Pro	Thr Ala	Ile Ile	Lys Val	Arg Arg	Gly
1625			1630			1635	
Leu Glu	Val Gly	Trp Ala	Tyr Thr	His Gln	Gly Gly	Ile Ser	Ser
1640			1645			1650	
Val Glu	His Val	Thr Ser	Gly Lys	Asp Leu	Phe Val	Ser Asp	Ser
1655			1660			1665	
Met Gly	Arg Thr	Arg Val	Leu Cys	Gln Ser	Ser Asn	Lys Asn	Thr
1670			1675			1680	
Asp Glu	Thr Glu	Tyr Gly	Ile Lys	Thr Asp	Ser Ser	Cys Ala	Glu
1685			1690			1695	
Gly Ser	Arg Cys	Tyr Val	Phe Asn	Pro Glu	Ala Thr	Asn Ile	Ala
1700			1705			1710	
Gly Thr	Arg Gly	Ala Leu	Val His	Leu Arg	Lys Gln	Gly Cys	Ser

1715		1720		1725
Tyr Thr Cys Val Thr Ala Leu Gly Thr Pro Ala Phe Tyr Asp Leu				
1730		1735		1740
Lys Asn Leu Arg Gly Trp Ser Gly Leu Pro Ile Phe Glu Ala Ser				
1745		1750		1755
Thr Gly Lys Val Val Gly Arg Val Lys Val Gly Val Asn Glu Glu				
1760		1765		1770
Ser Lys Pro Thr Ala Ile Leu Ser Gly Thr Arg Ala Val Ser Ser				
1775		1780		1785
Lys Ala Ala Asp Leu Glu Val Val Val Lys Lys Leu Glu Asn Met				
1790		1795		1800
Ala Arg Gly Glu Phe Lys Gln Ile Thr Leu Ala Thr Gly Ala Gly				
1805		1810		1815
Lys Thr Thr Glu Leu Pro Arg Gly Leu Ile Glu Arg Ile Gly Arg				
1820		1825		1830
His Lys Arg Val Leu Val Leu Ile Pro Leu Arg Ala Ala Ala Glu				
1835		1840		1845
Ser Val Tyr Gln Tyr Met Arg Gln Lys His Pro Ser Ile Ala Phe				
1850		1855		1860
Asn Leu Arg Ile Gly Asp Leu Lys Glu Gly Asp Met Ala Thr Gly				
1865		1870		1875
Ile Thr Tyr Ala Ser Tyr Gly Tyr Phe Cys Gln Met Thr Gln Pro				
1880		1885		1890
Lys Leu Arg Ser Ala Leu Val Glu Tyr Ser Tyr Ile Phe Leu Asp				
1895		1900		1905
Glu Tyr His Cys Ala Thr Pro Glu Gln Leu Ala Val Met Ser Lys				
1910		1915		1920
Met His Arg Phe Ser Asp Gln Leu Arg Val Val Ala Met Thr Ala				
1925		1930		1935
Thr Pro Ala Gly Thr Val Thr Tyr Thr Gly Gln Lys Phe Pro Ile				
1940		1945		1950

Glu	Glu	Val	Ile	Ile	Pro	Asp	Thr	Met	Lys	Gly	Glu	Asp	Leu	Gly
1955						1960					1965			
Glu	Asn	Phe	Leu	Asp	Ile	Ala	Gly	Leu	Lys	Val	Pro	Arg	Asp	Glu
1970						1975					1980			
Met	Lys	Asn	Asn	Val	Leu	Val	Phe	Val	Pro	Thr	Arg	Asn	Met	Ala
1985						1990					1995			
Leu	Glu	Thr	Ala	Lys	Asn	Leu	Lys	Ala	Lys	Gly	Tyr	Asn	Ser	Gly
2000						2005					2010			
Tyr	Tyr	Tyr	Ser	Gly	Glu	Asp	Pro	Glu	Gly	Leu	Arg	Ser	Ile	Thr
2015						2020					2025			
Ser	Gln	Ser	Pro	Tyr	Ile	Ile	Ile	Ala	Thr	Asn	Ala	Ile	Glu	Ser
2030						2035					2040			
Gly	Val	Thr	Leu	Pro	Asp	Leu	Asp	Thr	Val	Ile	Asp	Thr	Gly	Leu
2045						2050					2055			
Lys	Cys	Glu	Lys	Arg	Val	Arg	Ile	Ala	Lys	Lys	Pro	Pro	Tyr	Ile
2060						2065					2070			
Val	Thr	Gly	Leu	Lys	Arg	Met	Ala	Ile	Thr	Ile	Gly	Glu	Gln	Ala
2075						2080					2085			
Gln	Arg	Arg	Gly	Arg	Val	Gly	Arg	Val	Lys	Pro	Gly	Lys	Tyr	Tyr
2090						2095					2100			
Arg	Ser	Gln	Glu	Thr	Ala	Ala	Gly	Ser	Lys	Asp	Tyr	His	Tyr	Asp
2105						2110					2115			
Leu	Leu	Gln	Ala	Gln	Lys	Tyr	Gly	Val	Glu	Asp	Gly	Ile	Asn	Ile
2120						2125					2130			
Thr	Lys	Ser	Phe	Arg	Glu	Met	Asn	Tyr	Asp	Trp	Ser	Leu	Tyr	Glu
2135						2140					2145			
Glu	Asp	Thr	Met	Val	Ile	Ala	Gln	Leu	Glu	Val	Leu	Asn	Asn	Leu
2150						2155					2160			
Leu	Ile	Ser	Asp	Glu	Leu	Gly	Leu	Ala	Thr	Arg	Asn	Ile	Met	Ala
2165						2170					2175			
Arg	Thr	Thr	Asn	Pro	Glu	Pro	Ile	Gln	Ile	Ala	Tyr	Asn	Ser	Tyr

2180	2185	2190
Glu Thr Gln Val Pro Val Leu Phe Pro Arg Ile Val Arg Gly Glu		
2195	2200	2205
Val Thr Asn Thr Tyr Glu Asp His Asn Tyr Ile Asn Cys Arg Lys		
2210	2215	2220
Leu Ala Glu Asp Val Pro Cys Tyr Ile Tyr Ala Thr Glu Asp Glu		
2225	2230	2235
Asp Leu Ala Val Asp Leu Leu Gly Leu Glu Trp Pro Asp Ala Ser		
2240	2245	2250
Asn Gln Thr Val Lys Gly Val Glu Gln Ala Leu Glu Gln Ile Val		
2255	2260	2265
Gly Leu Ser Thr Gly Glu Thr Ala Leu Leu Val Ala Leu Phe Gly		
2270	2275	2280
Tyr Val Gly Tyr Gln Ala Leu Ser Lys Arg His Ile Pro Val Val		
2285	2290	2295
Thr Asp Ile Tyr Thr Ile Glu Asp Gln Lys Ile Glu Asp Thr Ser		
2300	2305	2310
Pro Leu Gln Phe Ala Pro Asp Ser Leu Ala Ser Pro Thr Ile Glu		
2315	2320	2325
Met Arg Glu Leu Ala Val Gly Asp Val Glu Arg Val Lys Glu Glu		
2330	2335	2340
Ile Met Thr Tyr Ala Lys Lys Gly Ile Asp Phe Ile Gln Met Gln		
2345	2350	2355
Ala Glu Lys Met Thr Lys Ser Thr Thr Tyr Asn Thr Ser Lys Glu		
2360	2365	2370
Thr Val Leu Glu Tyr Met Lys Lys Phe Leu Glu Ala Ile Lys Glu		
2375	2380	2385
Asn Glu Asp Gln Ile Ile Arg Tyr Ser Leu Trp Gly Cys His Thr		
2390	2395	2400
Ala Leu Tyr Lys Ser Ile Lys Glu Arg Leu Gly His Glu Thr Ala		
2405	2410	2415

Ala Glu	Lys Met Thr Lys Ser	Thr Thr Tyr Asn Thr	Ser Lys Glu
2360	2365	2370	
Thr Val	Leu Glu Tyr Met Lys	Lys Phe Leu Glu Ala	Ile Lys Glu
2375	2380	2385	
Asn Glu	Asp Gln Ile Ile Arg	Tyr Ser Leu Trp Gly	Cys His Thr
2390	2395	2400	
Ala Leu	Tyr Lys Ser Ile Lys	Glu Arg Leu Gly His	Gln Thr Ala
2405	2410	2415	
Phe Ala	Thr Leu Val Val Lys	Trp Leu Ala Phe Gly	Glu Pro Ser
2420	2425	2430	
Ile Asp	Gly His Ile Lys Gln	Ala Ala Thr Asp Leu	Val Val Tyr
2435	2440	2445	
Tyr Ile	Ile Asn Arg Pro Lys	Phe Glu Gly Asp Thr	Gln Thr Met
2450	2455	2460	
Asp Glu	Gly Arg Arg Phe Val	Ala Ala Leu Leu Val	Ser Thr Leu
2465	2470	2475	
Ala Ser	Tyr Thr Tyr Lys Ser	Tyr Asn Tyr Glu His	Leu Gly Lys
2480	2485	2490	
Leu Val	Gln Pro Val Leu Asn	Tyr Leu Pro Tyr Ser	Ala Ser Val
2495	2500	2505	
Leu Arg	Met Phe Ser Pro Gly	Arg Leu Glu Ser Val	Val Ile Leu
2510	2515	2520	
Ser Ser	Thr Ile Tyr Lys Ser	Tyr Leu Ala Ile Lys	Lys Gly Arg
2525	2530	2535	
Ser Asp	Gly Leu Ala Gly Ala	Gly Ile Ser Ala Ala	Met Glu Ile
2540	2545	2550	
Met Thr	Gln Asn Pro Val Thr	Ile Gly Ile Ala Val	Leu Leu Gly
2555	2560	2565	
Val Gly	Ala Ile Ala Ala His	Asn Ala Ile Glu Ser	Ser Glu Gln
2570	2575	2580	
Lys Arg	Thr Leu Leu Met Lys	Val Phe Val Lys Asn	Phe Leu Asp
2585	2590	2595	

Gln Ala	Ala Thr Asp Glu Leu	Val Lys Glu Ser Pro	Glu Lys Ile
2600	2605	2610	
Ile Met	Ala Leu Phe Glu Ala	Ile Gln Thr Val Gly	Asn Pro Leu
2615	2620	2625	
Arg Leu	Ile Phe His Leu Tyr	Ala Cys Tyr Tyr Lys	Lys Trp Asp
2630	2635	2640	
Ala Lys	Glu Ile Ala Glu Arg	Thr Ala Gly Arg Asn	Leu Phe Met
2645	2650	2655	
Leu Ile	Ile Tyr Glu Gly Leu	Glu Leu Leu Gly Val	Asp Ser Glu
2660	2665	2670	
Gly Lys	Met Arg Gln Leu Ser	Gly Asn Tyr Ile Met	Asp Leu Ile
2675	2680	2685	
His Arg	Val Ile Ser Asn Val	Ser Asn Ser Thr Asn	Arg Cys Leu
2690	2695	2700	
Lys Asn	Leu Leu Trp Arg Ile	Ala Pro Ala Pro Ile	Ser Cys Asp
2705	2710	2715	
Trp Ser	Asn Phe Asp Glu Arg	Ile Gly Leu Pro Thr	Leu Gln Tyr
2720	2725	2730	
Asp Arg	Thr Glu Thr Lys Cys	Thr Cys Gly Tyr Thr	Lys Ser Met
2735	2740	2745	
Met Lys	Thr Ser Asp Gly Arg	Trp Asn Val Leu Glu	Glu Lys Gly
2750	2755	2760	
Pro Val	Leu Cys Arg Asn Arg	Gly Glu Val Gly Leu	Leu Asn Tyr
2765	2770	2775	
Lys Val	Thr Ser Tyr Tyr Asn	Gln Arg Glu Lys Val	Asn Pro Val
2780	2785	2790	
Ile Lys	Leu Lys Gly Glu Val	Glu Leu Tyr Tyr Ser	Gly Gly Thr
2795	2800	2805	
Tyr Lys	Leu Ile Cys Ser His	Asn Gln Arg Thr Ile	Val Ala Thr
2810	2815	2820	

Ser Lys	Trp Gln Val Gln His	Ser Glu Val Ser Arg	Leu Leu Thr
2825	2830	2835	
Arg Phe	Ser Gly Phe Gly Val	Gly Gly Ser Ser Leu	Gly Asp Gln
2840	2845	2850	
Pro Asp	Tyr Asp Ala Leu Val	His Arg Lys Cys Ala	Thr Ile Thr
2855	2860	2865	
Lys Thr	Ser Val Val Phe Val	Lys Leu Glu Lys Gly	Cys Ala Phe
2870	2875	2880	
Thr Thr	Asp Leu Thr Ile Gln	Asn Leu Thr Lys Leu	Ile Glu Leu
2885	2890	2895	
Val His	Lys Asn Lys Leu Glu	Asp Gln Ala Leu Pro	Glu Val Ile
2900	2905	2910	
Thr Gly	Thr Ile Trp Leu Ala	Phe Asn Val Val Asn	Ala Asn Ile
2915	2920	2925	
Gly Tyr	Ile Lys Pro Thr Phe	Gly Glu Lys Ile Ile	Pro Glu Pro
2930	2935	2940	
Glu Glu	Ala Thr Phe Met Gln	Glu Val Ile Gln Ile	Lys Gln Ser
2945	2950	2955	
Lys Ala	Asn Ile Thr Cys Val	Gly Glu Ala Glu Val	Met Thr Thr
2960	2965	2970	
Gly Val	Thr Lys Phe Thr Asn	Val Gln Glu Thr Glu	Asn Gln His
2975	2980	2985	
Asn Gln	Val Glu Ile Gly Ile	Glu Lys Gly Gln Phe	Pro Gly Pro
2990	2995	3000	
Tyr Arg	Gln Thr Ser Arg Leu	Glu Glu Val Ile Glu	Gln Lys Asp
3005	3010	3015	
Gly Arg	Pro Tyr Leu Leu Val	Ile Gly Lys Arg Thr	Ser Met Ser
3020	3025	3030	
Met Arg	Ala Arg Thr Ala Lys	Asn Ile Lys Phe Phe	Thr Gly Arg
3035	3040	3045	
Ser Glu	Ile Leu Leu Arg Asp	Leu Met Glu Gln Gly	Lys Val Ile
3050	3055	3060	

Thr Val	Ala Leu Cys Glu Leu	Glu Asp Asp Leu Ile	Pro Tyr Ile
3065	3070	3075	
Asp Tyr	Lys Gly Ser Tyr Leu	Asn Arg Glu Ala Leu	Glu Ala Leu
3080	3085	3090	
Ala Arg	Gly Gln Pro Lys Lys	Lys Lys Ile Thr Lys	Ala Ile Ala
3095	3100	3105	
Arg Arg	Leu Leu Gln Pro Glu	Glu Glu Asp Thr Ser	Leu Pro Glu
3110	3115	3120	
Trp Leu	His Val Asp Gln Pro	Phe Gln Leu Thr Ile	Thr Arg Lys
3125	3130	3135	
Gln Glu	Ser Tyr His Ile Ile	Gly Asp Leu Gln Ser	Val Lys Glu
3140	3145	3150	
Lys Ala	Lys Gln Leu Gly Ala	Ser Glu Asn Thr Lys	Ile Val Lys
3155	3160	3165	
Glu Lys	Asn Ala Thr Ile Tyr	Thr Met Lys Leu Ser	Asn Trp Leu
3170	3175	3180	
Ser Tyr	Glu Ser Lys Tyr Arg	Asn Cys Asp Leu Thr	Ala Leu Phe
3185	3190	3195	
Glu Glu	Leu Leu Leu Arg Cys	Thr Pro Ile Ser Glu	Arg Lys Asp
3200	3205	3210	
Leu His	Met Ala Ser Pro Val	Gln Met Ala Asn Gly	Asn Trp Trp
3215	3220	3225	
Pro Leu	Arg Ala Glu Val His	Phe Gly Arg Ile Pro	Cys Ile Arg
3230	3235	3240	
Arg Lys	Thr His Pro Tyr Glu	Ala Tyr Val Glu Leu	Lys Glu Leu
3245	3250	3255	
Val Glu	Arg Lys Glu Ser Ser	Lys Leu Leu Gly Glu	His Ser Leu
3260	3265	3270	

Arg Gln	His Asn His Trp	Ile	Leu Lys Lys Ile	Ser	Glu Pro Gly
3275		3280		3285	
Thr Leu	Asn Thr Lys Met Met	Leu Asn Pro Gly	Lys	Ile Gly Gly	
3290		3295		3300	
Gly Val	Arg Lys Glu Lys Arg	Lys Asn Asn Val	Tyr	Asn Ser Arg	
3305		3310		3315	
Ile Gly	Ala Ile Met His Ser	Ile Gly Ile Lys Met	Glu Lys Leu		
3320		3325		3330	
Pro Val	Val Arg Ala Gln Thr	Asp Thr Arg Ser	Phe	His Ser Ala	
3335		3340		3345	
Ile Lys	Glu Lys Ile Asp Lys	Lys Glu Asn Glu	Gln	Glu Pro Asn	
3350		3355		3360	
Met His	Pro Glu Leu Tyr Lys	Ile Phe Glu Val	Phe	Ser Lys Gly	
3365		3370		3375	
Glu Leu	Ala Ser Thr Tyr Asp	Glu Val Thr Trp	Glu	Glu Leu Glu	
3380		3385		3390	
Asn Gly	Ile Asn Arg Lys Gly	Ala Ala Gly Val	Leu	Glu Asp Leu	
3395		3400		3405	
Asn Ile	Gly Glu Ile Leu Leu	Lys Asp Lys Ala	Gly	Val Thr Lys	
3410		3415		3420	
Ile Ile	Arg Asp Leu Arg Ala	Gly Lys Lys Ile	Lys	Tyr Tyr Glu	
3425		3430		3435	
Thr Ala	Ile Pro Lys Asn Glu	Lys Arg Asp Val	Thr	Asp Asp Trp	
3440		3445		3450	
Val Thr	Gly Asp Tyr Val Glu	Glu Lys Lys Pro	Arg	Val Ile Gln	
3455		3460		3465	
Tyr Pro	Glu Ala His Val Arg	Leu Ala Ile Thr	Lys	Val Met Tyr	
3470		3475		3480	
Ser Trp	Val Lys Gln Lys Pro	Val Val Ile Pro	Gly	Tyr Glu Gly	
3485		3490		3495	
Lys Thr	Pro Leu Phe Asn Val	Phe Asn Lys Val	His	Lys Glu Trp	
3500		3505		3510	
Lys Gly	Phe Gln Asp Pro Val	Ala Val Ser Phe	Asp	Thr Lys Ala	
3515		3520		3525	

Trp Asp Thr Gln Val Thr Thr Lys Asp Leu Leu Leu Ile Ala Arg
3530 3535 3540

Ile Gln Lys Phe Tyr Phe Lys Gln Lys Trp His Lys Phe Ile Asp
3545 3550 3555

Thr Ile Thr Glu His Met Cys Gln Val Pro Val Val Thr Glu Asp
3560 3565 3570

Gly Glu Val Tyr Ile Arg Gln Gly Gln Arg Gly Ser Gly Gln Pro

3575 3580 3585

Asp Thr Ser Ala Gly Asn Ser Met Leu Asn Val Leu Thr Met Val
3590 3595 3600

Leu Ala Phe Cys Arg Ala Thr Gly Ile Pro Tyr Lys Ser Phe Pro
3605 3610 3615

Arg Val Ala Lys Ile His Val Cys Gly Asp Asp Gly Phe Leu Ile
3620 3625 3630

Thr Glu Arg Pro Leu Ala Gln Arg Phe Ser Arg His Gly Val Gln
3635 3640 3645

Leu Leu His Glu Leu Gly Lys Pro Gln Lys Ile Thr Thr Glu Asn
3650 3655 3660

Asn Thr Met Lys Leu Ala Tyr Asn Phe Glu Asp Ile Glu Phe Cys
3665 3670 3675

Ser His Thr Pro Ile Gln Val Arg Trp Ser Asp Asn Ser Ser Ser
3680 3685 3690

Tyr Met Ala Gly Arg Glu Thr Ala Thr Ile Leu Ala Lys Met Ala
3695 3700 3705

Thr Arg Leu Asp Ser Ser Gly Glu Arg Gly Ser Glu Ala Tyr Glu
3710 3715 3720

Arg Ala Val Ala Phe Ser Phe Leu Leu Met Tyr Ser Trp Asn Pro
3725 3730 3735

Leu Val Arg Arg Ile Cys Leu Leu Val Leu Ser Ile Cys Asp Gln
3740 3745 3750

Pro Lys Met Ala Gln Thr Thr Met Phe Tyr Ser Glu Gly Asp Pro
3755 3760 3765

Val Ala Ala Tyr Glu Glu Val Val Gly His Lys Ile Thr Gln Leu
3770 3775 3780

Asn Arg Thr Glu Phe Arg Lys Leu Ala Lys Leu Asn Leu Ser Met
3785 3790 3795

Ser Ile Leu Gly Ile Trp Thr Lys His Thr Ser Lys Arg Leu Leu
3800 3805 3810

Glu Asp Cys Ile Lys Arg Gly Met Ala Glu Gly Asn His Leu Val
3815 3820 3825

Asn Ala Asp Arg Leu Val Ser Gln Lys Thr Gly Asn Ser Tyr Thr
3830 3835 3840

Gln Gly Thr Gly His Val Lys Gln Gly Lys His Tyr Glu Glu Leu
3845 3850 3855

Ile Ile Pro Ser Gly Arg Arg Ile Thr Thr Thr Ile Val Glu Arg
3860 3865 3870

Tyr Ser Leu Gly Pro Ile Lys Thr Phe Ile Leu Lys Arg Leu Arg
3875 3880 3885

Leu Leu Thr Ile Phe Leu Ser Asn Asn
3890 3895

<210> 50
<211> 3989
<212> БИОМ
<213> Полипептид неструктурного жирафа

<400> 50

Met Glu Leu Ile Lys Phe Glu Leu Leu Tyr Lys Thr Ser Lys Gln Lys
1 5 10 15

Pro Val Gly Val Glu Glu Pro Val Tyr Arg Arg Thr Gly Glu Pro Val
20 25 30

Phe Gly Glu Pro Ser Pro Ile His Pro Gln Ala Ser Leu Glu Leu Pro
35 40 45

His Gln Arg Gly Thr Arg Asp Ile Pro Thr Arg Leu Lys Asp Leu Pro
50 55 60

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

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

Ser Gly Met Met Asp Ala Ser Glu Glu Thr Asn Tyr Thr Cys Cys Arg
325 330 335

Leu Gln Arg His Glu Trp Asn Lys His Gly Trp Cys Asn Trp Phe Asn
340 345 350

Ile Glu Pro Trp Ile Ala Leu Met Asn Arg Thr Gln Ala Asn Leu Thr
355 360 365

Glu Gly Pro Pro Pro Lys Glu Cys Ala Val Thr Cys Arg Tyr Asp Lys
370 375 380

Asn Thr Glu Thr Asn Ile Val Thr Gln Ala Arg Asp Arg Pro Thr Met
385 390 395 400

Leu Thr Gly Cys Lys Lys Gly Lys Asn Phe Ser Phe Ala Gly Thr Val
405 410 415

Ile Lys Gly Pro Cys Asn Phe Asp Val Ser Leu Glu Asp Ile Leu Phe
420 425 430

Lys Asp Glu Gly Cys Gly Asn Met Met Gln Asp Ala Ala Ile Gln Glu
435 440 445

Val Asp Gly Ile Thr Asn Thr Val Glu Gly Ala Arg Gln Gly Ala Ala
450 455 460

Lys Leu Thr Thr Trp Leu Gly Lys Gln Phe Arg Ile Leu Gly Arg Lys
465 470 475 480

Leu Glu His Lys Ser Lys Thr Trp Phe Gly Ala His Ala Ala Ser Pro
485 490 495

Tyr Cys Glu Val Asn Lys Lys Leu Gly Tyr Ile Trp Tyr Thr Asn Asn
500 505 510

Cys Thr Pro Ala Cys Leu Pro Gly Asn Thr Lys Ile Ile Gly Pro Gly
515 520 525

Lys Phe Asp Thr Asn Ala Glu Asp Gly Lys Ile Leu His Glu Leu Gly
530 535 540

Gly His Leu Ser Glu Phe Ile Leu Leu Ser Leu Val Val Leu Ser Asp
545 550 555 560

Phe Ala Pro Glu Thr Ala Ser Ala Ile Tyr Leu Val Leu His Tyr Thr
565 570 575

Met Pro Gln Lys Tyr Glu Val Val Gly Ser Cys Asp Arg Asn Gln Leu
580 585 590

Asn Leu Thr Val Lys Thr Arg Val Glu Asp Val Ile Pro Ser Ser Val
595 600 605

Trp Asn Ile Gly Lys Tyr Val Cys Val Arg Pro Asp Trp Trp Pro Tyr
610 615 620

Glu Thr Thr Thr Val Phe Ile Phe Glu Glu Val Ser Gln Val Val Lys
625 630 635 640

Leu Val Leu Arg Ala Leu Arg Asp Leu Thr Arg Ile Trp Asn Ala Ala
645 650 655

Ser Thr Thr Ala Phe Leu Ile Cys Leu Val Lys Val Leu Arg Gly Gln
660 665 670

Val Ile Gln Gly Ile Val Trp Leu Leu Leu Val Thr Gly Ala Gln Gly
675 680 685

Ala Ile Thr Cys Glu Pro Glu Tyr Gln Tyr Ala Leu Ala Arg Ser Lys
690 695 700

Arg Ile Gly Pro Leu Gly Ala Glu Asp Leu Val Thr Thr Trp His Asp
705 710 715 720

Tyr Lys Phe Asp Leu Lys Ile Gln Asp Pro Leu Val Met Val Tyr Cys
725 730 735

Lys Asn Asp Gln Phe Phe Val Gly Lys Arg Cys Lys Ala Gly Glu Ala
740 745 750

Arg Tyr Leu Ala Lys Ile His Trp Arg Ala Leu Pro Thr Ser Val Val
755 760 765

Phe Glu Lys Val Leu Glu Glu Asn Pro Pro Glu Glu Leu Pro Leu Glu
770 775 780

Asp Asn Phe Glu Phe Gly Leu Cys Pro Cys Asp Ser Arg Pro Val Val
785 790 795 800

Lys Gly Asn Phe Asn Thr Thr Leu Ile Asn His Ser Ala Phe Gln Leu
 805 810 815
 Val Cys Pro Ile Gly Trp Val Gly Thr Ile Glu Cys Thr Leu Val Asn
 820 825 830
 Thr Asp Thr Leu Ala Thr Thr Val Val Lys Arg Tyr Thr Arg Thr Thr
 835 840 845
 Pro Phe Pro Met Arg Ala Gly Cys Val Val Tyr Lys Leu Ile Gly Glu
 850 855 860
 Asp Leu His His Cys Thr Leu Gly Gly Asn Trp Thr Cys Val Pro Glu
 865 870 875 880
 Asp Asp Gly Thr Tyr Thr Gly Gly Glu Leu Glu Lys Cys Lys Trp Cys
 885 890 895
 Gly Phe Lys Phe Arg Ile Pro Asp Gly Leu Pro Thr Tyr Pro Ile Gly
 900 905 910
 Arg Cys Met Lys Arg Gly Lys Ala Gly Tyr Arg Phe Val Ser Glu Glu
 915 920 925
 Pro Cys Asn Arg Glu Gly Val Glu Ile Ser Thr Lys Gly Lys Leu Lys
 930 935 940
 Cys Ile Ile Glu Lys Thr Gln Val Lys Val Tyr Ala Ala Asp Asn Thr
 945 950 955 960
 Leu Gly Pro Met Pro Cys Lys Pro Met Glu Ile Ile Ser Ser Glu Gly
 965 970 975
 Pro Val Ser Lys Thr Ala Cys Thr Phe Asn Tyr Thr Glu Thr Leu Glu
 980 985 990
 Asn Lys Tyr Phe Glu Pro Arg Asp Glu Tyr Phe Gln Gln Tyr Met Leu
 995 1000 1005
 Lys Gly Lys Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Lys Ala Thr Asp Asn
 1010 1015 1020
 Arg Lys Asp Tyr Phe Ala Glu Phe Leu Val Ile Ala Val Val Ala
 1025 1030 1035
 Leu Leu Gly Gly Arg Tyr Val Leu Trp Leu Leu Val Thr Tyr Phe
 1040 1045 1050

Val Ile Thr Glu Gln Glu Ala	Ser Gly Leu Gln Leu	Glu Pro Gly
1055	1060	1065
Val Val Val Met Ile Gly Asn	Leu Ile Thr Glu Asp	Asn Ile Glu
1070	1075	1080
Val Val Val Tyr Phe Leu Leu	Leu Phe Leu Val Val	Arg Asp Glu
1085	1090	1095
Pro Val Lys Lys Trp Val Ile	Cys Leu Tyr His Cys	Leu Thr Met
1100	1105	1110
Lys Pro Ile Lys Thr Ala Ala	Val Leu Val Leu Leu	Met Ser Asn
1115	1120	1125
Val Val Asn Gly Glu Gly Gly	Ser Lys Ala Gly Ala	Gly Ile Asp
1130	1135	1140
Leu Tyr Phe Leu Thr Thr Leu	Gly Met Val Val Phe	Leu Val Leu
1145	1150	1155
Ala Arg Arg Asp Pro Met Leu	Ile Pro Leu Val Val	Ala Ile Ala
1160	1165	1170
Thr Phe Lys Thr Thr Lys Tyr	Thr Ala Gly Phe Ser	Val Asp Val
1175	1180	1185
Ala Leu Ala Val Leu Leu Ile	Val Leu Leu Ile Cys	Ser Tyr Thr
1190	1195	1200
Ser Asp Tyr Phe Lys Tyr Arg	Lys Leu Leu Gln Cys	Leu Leu Ser
1205	1210	1215
Ile Gly Ala Ala Val Phe Leu	Ile Arg Ser Leu Lys	Trp Leu Gly
1220	1225	1230
Gly Val Gly Leu Pro Ser Ile	Glu Leu Pro Thr Gln	Arg Pro Leu
1235	1240	1245
Phe Tyr Ile Leu Val Tyr Leu	Ile Ala Thr Ala Leu	Val Thr Ser
1250	1255	1260
Trp Asn Leu Asp Ile Ala Gly	Ser Leu Ile Gln Ala	Val Pro Ile
1265	1270	1275
Leu Leu Leu Ile Phe Thr Leu	Trp Ala Asp Ile Leu	Thr Leu Ile
1280	1285	1290

Leu Val	Leu Pro Thr Tyr Glu	Leu Ala Lys Leu Tyr	Tyr Leu Lys
1395	1300	1305	
Met Val	Lys Thr Asp Val Glu	Lys Thr Trp Thr Gly	Arg Val Arg
1310	1315	1320	
Tyr Lys	Arg Val Thr Thr Val	Tyr Asp Leu Glu Gly	Ser Gly Glu
1325	1330	1335	
Gly Val	Tyr Leu Phe Pro Ser	Lys Met Gly Gly Arg	Asp Gly Phe
1340	1345	1350	
Asp Phe	Thr Leu Pro Leu Leu	Arg Ala Val Leu Ile	Ser Cys Val
1355	1360	1365	
Ser Ser	Tyr Trp Gln Thr Phe	Tyr Leu Met Tyr Leu	Ala Ile Asp
1370	1375	1380	
Leu Leu	Tyr Tyr Val His Arg	Lys Ile Ile Glu Glu	Val Ala Gly
1385	1390	1395	
Gly Thr	Asn Leu Ala Ser Arg	Leu Leu Ala Ala Leu	Ile Glu Leu
1400	1405	1410	
Asn Trp	Thr Val Asp Ser Glu	Glu Ser Lys Gly Leu	Lys Lys Phe
1415	1420	1425	
Phe Val	Leu Thr Ser Arg Val	Lys Asn Leu Val Met	Lys His Lys
1430	1435	1440	
Val Arg	Asn Asp Leu Val Ala	Lys Trp Tyr Glu Asp	Glu Glu Ile
1445	1450	1455	
Tyr Gly	Met Pro Lys Leu Val	Ser Ile Val Lys Ala	Ala Ser Leu
1460	1465	1470	
Ser Lys	Thr Lys Ser Cys Ile	Leu Cys Thr Val Cys	Glu Asn Lys
1475	1480	1485	
Asp Trp	Lys Gly Val Asn Cys	Pro Lys Cys Gly Gly	Thr Gly Pro
1490	1495	1500	
Pro Ile	Ser Cys Gly Met Thr	Leu Ala Asp Phe Glu	Glu Arg His
1505	1510	1515	

Tyr Lys	Arg Ile Phe Ile Arg	Glu Asp Ser Met Asn	Thr Met Met
1520	1525	1530	
Cys Asn	Arg Cys Gln Gly Lys	His Arg Arg Phe Glu	Met Asp Arg
1535	1540	1545	
Glu Pro	Lys Ser Ala Arg Tyr	Cys Ala Glu Cys Asn	Arg Leu His
1550	1555	1560	
Pro Ala	Glu Glu Gly Asp Phe	Trp Ala Glu Ser Ser	Met Leu Gly
1565	1570	1575	
Leu Lys	Ile Thr Tyr Phe Ala	Leu Met Asp Gly Lys	Val Tyr Asp
1580	1585	1590	
Ile Thr	Glu Trp Ala Gly Cys	Gln Arg Val Gly Ile	Ser Pro Asp
1595	1600	1605	
Thr His	Arg Val Pro Tyr His	Ile Pro Phe Gly Ser	Arg Met Pro
1610	1615	1620	
Gly Thr	Ser Asp Gln Arg Glu	Glu Cys Glu Gly Phe	Leu Gln Tyr
1625	1630	1635	
Arg Ala	Arg Gly Gln Leu Phe	Leu Arg Asn Leu Pro	Ile Leu Ala
1640	1645	1650	
Thr Lys	Val Lys Phe Leu Met	Val Gly Asn Leu Gly	Ser Glu Val
1655	1660	1665	
Gly Asp	Leu Glu His Leu Gly	Trp Val Leu Arg Gly	Pro Ala Val
1670	1675	1680	
Cys Lys	Lys Ile Thr Ser His	Glu Lys Cys His Thr	Gly Ile Ala
1685	1690	1695	
Asp Lys	Leu Thr Ala Phe Phe	Gly Ile Met Pro Arg	Gly Thr Thr
1700	1705	1710	
Pro Arg	Ala Pro Val Arg Phe	Pro Asn Ala Leu Leu	Lys Ile Arg
1715	1720	1725	
Arg Gly	Leu Glu Thr Gly Trp	Ala Tyr Thr His Gln	Gly Gly Ile
1730	1735	1740	
Ser Ser	Val Asp His Val Thr	Gly Gly Lys Asp Leu	Leu Val Cys
1745	1750	1755	

Asp Ser Met Gly Arg Thr Arg Val Val Cys Gln Ser Asn Asn Lys	
1760	1765 1770
Met Thr Asp Glu Thr Glu Tyr Gly Ile Lys Thr Asp Ser Gly Cys	
1775	1780 1785
Pro Asp Gly Ala Arg Cys Tyr Val Leu Asn Pro Glu Ala Pro Asn	
1790	1795 1800
Ile Ser Gly Thr Lys Gly Ala Met Val His Leu Gln Lys Thr Gly	
1805	1810 1815
Ser Glu Phe Thr Cys Val Thr Ala Ser Gly Thr Pro Ala Phe Phe	
1820	1825 1830
Asp Leu Lys Asn Leu Arg Gly Trp Ser Gly Leu Pro Ile Phe Glu	
1835	1840 1845
Ala Ser Ser Gly Arg Val Val Gly Arg Val Lys Val Gly Lys Asn	
1850	1855 1860
Glu Gly Ala Lys Pro Thr Lys Leu Met Ser Gly Ile Gln Thr Val	
1865	1870 1875
Ser Lys Ser Thr Ala Asp Ile Thr Glu Met Val Lys Lys Ile Val	
1880	1885 1890
Ala Met Asn Arg Gly Glu Phe Lys Gln Ile Thr Leu Ala Thr Gly	
1895	1900 1905
Ala Gly Lys Thr Thr Glu Leu Pro Arg Ser Val Val Gln Glu Ile	
1910	1915 1920
Gly Arg His Lys Arg Val Leu Val Leu Ile Pro Leu Arg Ala Ala	
1925	1930 1935
Ala Glu Ser Val Tyr Gln Tyr Met Arg His Lys Tyr Pro Ser Ile	
1940	1945 1950
Ala Phe Asn Leu Arg Ile Gly Glu Met Lys Glu Gly Asp Met Ala	
1955	1960 1965
Thr Gly Ile Thr Tyr Ala Ser Tyr Gly Tyr Phe Cys Gln Met Pro	
1970	1975 1980

Gln Pro	Lys Leu Arg Ala Ala	Met Val Glu Tyr Ser	Tyr Ile Phe
1985	1990	1995	
Leu Asp	Glu Tyr His Cys Ala	Thr Ala Glu Gln Leu	Ala Ile Ile
2000	2005	2010	
Gly Lys	Ile His Arg Phe Ser	Asp Gln Leu Arg Val	Val Ala Met
2015	2020	2025	
Thr Ala	Thr Pro Ala Gly Thr	Val Thr Thr Thr Gly	Gln Lys His
2030	2035	2040	
Pro Ile	Glu Glu Phe Ile Ala	Pro Glu Val Met Arg	Gly Glu Glu
2045	2050	2055	
Leu Gly	Ser Glu Phe Ile Asp	Ile Ala Gly Leu Lys	Ile Pro Thr
2060	2065	2070	
Glu Glu	Met Lys Gly Asn Met	Leu Val Phe Val Pro	Thr Arg Asn
2075	2080	2085	
Met Ala	Val Glu Thr Ala Lys	Lys Leu Lys Ala Lys	Gly Tyr Asn
2090	2095	2100	
Ser Gly	Tyr Tyr Tyr Ser Gly	Glu Asp Pro Ala Asn	Leu Lys Val
2105	2110	2115	
Val Thr	Ser Gln Ser Pro Tyr	Val Val Val Ala Thr	Asn Ala Ile
2120	2125	2130	
Glu Ser	Gly Val Thr Leu Pro	Asp Leu Asp Val Val	Val Asp Thr
2135	2140	2145	
Gly Leu	Lys Cys Glu Lys Arg	Val Arg Ile Ser Ser	Lys Met Pro
2150	2155	2160	
Phe Ile	Val Thr Gly Leu Lys	Arg Met Ala Val Thr	Ile Gly Glu
2165	2170	2175	
Gln Ala	Gln Arg Arg Gly Arg	Val Gly Arg Val Lys	Pro Gly Lys
2180	2185	2190	
Tyr Tyr	Arg Ser Gln Glu Thr	Ala Thr Gly Ser Lys	Asp Tyr His
2195	2200	2205	

Tyr Asp	Leu Leu Gln Ala Gln	Arg Tyr Gly Ile Glu	Asp Gly Ile
2210	2215	2220	
Asn Val	Thr Lys Ser Phe Arg	Glu Met Asn Tyr Asp	Trp Ser Leu
2225	2230	2235	
Tyr Glu	Glu Asp Ser Leu Leu	Ile Thr Gln Leu Glu	Val Leu Asn
2240	2245	2250	
Asn Leu	Leu Ile Ser Glu Asp	Leu Pro Ala Ala Val	Lys Asn Ile
2255	2260	2265	
Met Ala	Arg Thr Asp His Pro	Glu Pro Ile Gln Leu	Ala Tyr Asn
2270	2275	2280	
Ser Tyr	Glu Val Gln Val Pro	Val Leu Phe Pro Lys	Ile Arg Asn
2285	2290	2295	
Gly Glu	Val Thr Asp Thr Tyr	Glu Thr Tyr Thr Phe	Leu Asn Ala
2300	2305	2310	
Arg Lys	Leu Gly Glu Asp Val	Pro Ala Tyr Ile Tyr	Ala Thr Glu
2315	2320	2325	
Asp Glu	Asp Leu Ala Val Asp	Leu Leu Gly Leu Asp	Trp Pro Asp
2330	2335	2340	
Pro Gly	Val Gln Ser Thr Thr	Glu Thr Ser Arg Ala	Leu Lys Gln
2345	2350	2355	
Val Met	Gly Leu Ser Thr Ala	Glu Asn Ala Leu Leu	Val Ala Leu
2360	2365	2370	
Phe Gly	Tyr Val Gly Tyr Gln	Ala Leu Ser Lys Arg	His Ile Pro
2375	2380	2385	
Ile Val	Thr Asp Ile Tyr Thr	Val Glu Asp His Arg	Leu Glu Asp
2390	2395	2400	
Thr Thr	His Leu Gln Phe Ala	Pro Asn Ala Ile Arg	Thr Asp Gly
2405	2410	2415	
Lys Glu	Thr Glu Leu Lys Glu	Leu Ala Val Gly Asp	Ile Asp Arg
2420	2425	2430	
Cys Thr	Glu Ala Ile Ala Asp	Tyr Thr Asn Lys Gly	Ile Gln Phe
2435	2440	2445	

Ile	Lys	Ile	Gln	Ala	Ala	Asn	Val	Met	Gly	Ser	Thr	Ala	Val	Lys
2450						2455						2460		
Glu	Val	Ala	Ser	Glu	Val	Lys	Asp	Tyr	Val	Gln	Lys	Phe	Ile	Asp
2465						2470					2475			
Ala	Leu	Ser	Glu	Ser	Lys	Glu	Glu	Ile	Leu	Arg	Tyr	Gly	Leu	Trp
2480						2485					2490			
Gly	Thr	His	Thr	Ala	Leu	Tyr	Lys	Ser	Ile	Ala	Ser	Arg	Leu	Gly
2495						2500					2505			
His	Glu	Thr	Ala	Phe	Ala	Thr	Leu	Val	Ile	Lys	Trp	Leu	Ala	Phe
2510						2515					2520			
Gly	Gly	Glu	Ser	Ile	Ser	Asp	His	Ile	Lys	Gln	Ala	Ala	Thr	Asp
2525						2530					2535			
Leu	Val	Val	Tyr	Tyr	Ile	Met	Asn	Lys	Pro	His	Phe	Pro	Gly	Asp
2540						2545					2550			
Thr	Glu	Thr	Gln	Gln	Glu	Gly	Arg	Arg	Phe	Val	Ala	Ser	Leu	Leu
2555						2560					2565			
Val	Ala	Gly	Leu	Ala	Thr	Tyr	Thr	Tyr	Lys	Thr	Trp	Asn	Tyr	Asn
2570						2575					2580			
Asn	Leu	Ser	Lys	Val	Val	Glu	Pro	Ala	Leu	Ala	Cys	Leu	Pro	Tyr
2585						2590					2595			
Ala	Ala	Gln	Ala	Leu	Lys	Leu	Phe	Thr	Pro	Thr	Arg	Leu	Glu	Ser
2600						2605					2610			
Val	Val	Ile	Leu	Ser	Thr	Ala	Ile	Tyr	Lys	Thr	Tyr	Leu	Ser	Ile
2615						2620					2625			
Arg	Lys	Gly	Lys	Ser	Asp	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Gly	Val	Ser	Ala
2630						2635					2640			
Ala	Met	Glu	Ile	Met	Ser	Gln	Asn	Pro	Val	Ser	Val	Gly	Val	Ala
2645						2650					2655			
Val	Met	Leu	Gly	Val	Gly	Ala	Val	Ala	Ala	His	Asn	Ala	Ile	Glu
2660						2665					2670			
Ser	Cys	Glu	Gln	Lys	Arg	Thr	Leu	Leu	Met	Lys	Val	Phe	Val	Lys
2675						2680					2685			

Asn Phe	Leu Asp	Gln Ala	Ala	Thr Asp	Glu Leu	Val	Lys Glu	Ser	
2690			2695			2700			
Pro Glu	Lys Ile	Ile Met	Ala	Leu Phe	Glu Ala	Val	Gln Thr	Ile	
2705			2710			2715			
Gly Asn	Pro Leu	Arg Leu	Ile	Tyr His	Ile Tyr	Gly	Val Phe	Tyr	
2720			2725			2730			
Lys Gly	Trp Glu	Thr Lys	Asp	Leu Ala	Glu Arg	Thr	Ala Gly	Arg	
2735			2740			2745			
Asn Ile	Phe Thr	Leu Ile	Met	Phe Glu	Ala Val	Glu	Leu Leu	Gly	
2750			2755			2760			
Val Asp	Ser Glu	Gly Lys	Ile	Arg Thr	Leu Ser	Ser	Asn Tyr	Ile	
2765			2770			2775			
Leu Asp	Ile Leu	His Arg	Leu	Lys Asn	Ser Leu	Gln	Ile Ser	Ala	
2780			2785			2790			
Arg Lys	Val Ile	Ile Gly	Trp	Ala Pro	Ala Pro	Phe	Ser Cys	Asp	
2795			2800			2805			
Trp Thr	Ala Ser	Asp Asp	Arg	Ile His	Leu Pro	Ser	Glu Asp	Tyr	
2810			2815			2820			
Gln His	Ile Gln	Thr Lys	Cys	Thr Cys	Gly Tyr	Glu	Met Lys	Ala	
2825			2830			2835			
Val Lys	Gly Ala	Asp Gly	Lys	Ile Val	Lys Val	Glu	Glu Lys	Gly	
2840			2845			2850			
Ser Phe	Phe Cys	Arg Asn	Lys	Tyr Gly	Arg Gly	Pro	Ile Asn	His	
2855			2860			2865			
Lys Val	Thr Arg	Tyr Tyr	Lys	Gly Asp	Met Ser	Glu	Val Lys	Pro	
2870			2875			2880			
Met Ala	Lys Ile	Gln Gly	Val	Val Asp	Phe Tyr	Tyr	Lys Gly	Ala	
2885			2890			2895			
Thr Ile	Arg Val	Asp Thr	Gly	Asn Gly	Lys Thr	Val	Thr Ala	Thr	
2900			2905			2910			

Asp Lys	Trp Glu Ile Asp His	Ala Thr Ile Thr Arg	Leu Leu Lys
2915	2920	2925	
Lys His	Thr Gly Ile Gly Phe Asn Gly Ala Tyr Leu	Gly Glu Glu	
2930	2935	2940	
Pro Asn	Tyr Lys Asp Leu Ile Gly Arg Asp Cys Ala	Thr Ile Thr	
2945	2950	2955	
Arg Asp	Ser Val Gln Phe Leu Lys Met Lys Arg Gly	Cys Ala Phe	
2960	2965	2970	
Thr Tyr	Asp Leu Thr Leu Ser Asn Leu Val Lys Leu	Ile Glu Leu	
2975	2980	2985	
Val His	Lys Asn Lys Leu Glu Glu Arg Glu Ile Pro	Glu Val Thr	
2990	2995	3000	
Val Thr	Thr Trp Leu Ala Tyr Val Phe Val Asp Glu	Asp Val Gly	
3005	3010	3015	
Thr Ile	Lys Pro Cys Leu Gly Glu Lys Val Ile Pro	Glu Lys Thr	
3020	3025	3030	
Gly Asp	Val Ser Leu Gln Ser Glu Val Ile Leu Asp	Thr Thr Ser	
3035	3040	3045	
Val Gly	Ile Ser Val Val Gly Gly Ser Asp Arg Ala	Thr Thr Gly	
3050	3055	3060	
Ile Thr	Pro Val Val Ile Glu Lys Gln Ser Val Thr	Gly Gly Asn	
3065	3070	3075	
Gln Asn	Ile Leu Lys Ile Gly Leu Ser Glu Gly Glu	Tyr Pro Gly	
3080	3085	3090	
Pro Gly	Val Asn Arg Ala Ser Ile Ser Gln Ala Val	Glu Glu Arg	
3095	3100	3105	
Asp Asn	Arg Pro Trp Val Leu Ile Leu Gly Ser Asp	Lys Ala Thr	
3110	3115	3120	
Ser Asn	Arg Val Lys Thr Ala Arg Asn Val Arg Leu	Tyr Lys Gly	
3125	3130	3135	
Ser Asp	Pro Val Glu Val Arg Arg Leu Met Arg Glu	Gly Arg Leu	
3140	3145	3150	

Leu Val	Ile Ser Leu Arg Asp	Thr Asp Lys Gly Leu	His Gln Tyr
3155	3160	3165	
Ile Asp	Phe Lys Gly Thr Tyr	Leu Thr Arg Glu Thr	Leu Glu Ala
3170	3175	3180	
Leu Ser	Met Gly Thr Pro Lys	Ala Lys Gln Ile Thr	Lys Ala Glu
3185	3190	3195	
Val Arg	Gln Leu Leu Ser Pro	Pro Ser Glu Asp Ser	Gly Leu Pro
3200	3205	3210	
Asp Trp	Leu Thr Ala Glu Asn	Pro Val Phe Leu Glu	Ala Thr Ile
3215	3220	3225	
Arg Gln	Glu Lys Tyr His Ile	Val Gly Asp Val Asp	Val Val Lys
3230	3235	3240	
Thr Lys	Ala Lys Glu Leu Gly	Ala Thr Asp Asp Thr	Lys Ile Val
3245	3250	3255	
Lys Glu	Val Gly Ala Arg Thr	Tyr Thr Met Lys Leu	Ser Ser Trp
3260	3265	3270	
Phe Thr	Gln Gln Ser Asn Lys	His His Ser Leu Leu	Pro Leu Phe
3275	3280	3285	
Glu Glu	Val Leu Leu Gln Cys	Pro Pro Lys Asn Pro	Asn Pro Arg
3290	3295	3300	
Val His	Met Val Ser Ala Tyr	Gln Leu Ala Gln Gly	Asn Trp Glu
3305	3310	3315	
Pro Val	Asp Cys Gly Val His	Leu Gly Thr Ile Pro	Ala Lys Arg
3320	3325	3330	
Ser Lys	Thr His Pro Tyr Glu	Ala Tyr Thr Lys Leu	Lys Glu Leu
3335	3340	3345	
Leu Glu	Gln His Lys Asn Ser	Asn Glu Met Gly Cys	Gly Met Val
3350	3355	3360	
Lys Glu	His Asn Lys Trp Ile	Leu Arg Lys Ile Lys	His His Gly
3365	3370	3375	

Asn Leu	Arg Thr Lys His	Ile	Leu Asn Pro Gly Lys	Leu Ser Glu
3380		3385		3390
Gln Leu	Ala Arg Asp Gly Gly	Lys His Asn Ile Tyr	Asn Lys Ile	
3395		3400		3405
Ile Gly	Ser Thr Met Thr Ser	Ile Gly Ile Lys Leu	Glu Lys Leu	
3410		3415		3420
Pro Val	Val Arg Ala Gln Thr	Asp Thr Thr Ser Phe	His Asp Ala	
3425		3430		3435
Ile Arg	Asp Lys Ile Asp Lys	Lys Glu Asn Leu Gln	Asn Pro Thr	
3440		3445		3450
Leu His	Thr Lys Leu Lys Glu	Ile Phe Asn Asn Leu	Ser Arg Pro	
3455		3460		3465
Glu Leu	Arg Glu Thr Tyr Asp	Glu Val Asp Trp Gly	Glu Leu Glu	
3470		3475		3480
Ile Gly	Ile Asn Arg Lys Gly	Ala Ala Gly Phe Leu	Glu Lys Lys	
3485		3490		3495
Asn Ile	Gly Glu Ile Leu Thr	Thr Glu Lys Lys Ser	Val Glu Glu	
3500		3505		3510
Ile Ile	Lys Lys Leu Arg Gln	Gly Arg Leu Ile Asn	Tyr Tyr Glu	
3515		3520		3525
Thr Ala	Ile Pro Lys Asn Glu	Lys Arg Asp Val Asn	Asp Asp Trp	
3530		3535		3540
Glu Ala	Gly Asp Leu Val Thr	Glu Lys Lys Pro Arg	Val Ile Gln	
3545		3550		3555
Tyr Pro	Glu Ala Lys Val Arg	Leu Ala Ile Thr Lys	Val Met Tyr	
3560		3565		3570
Lys Trp	Val Lys Gln Lys Pro	Val Val Ile Pro Gly	Tyr Glu Gly	
3575		3580		3585
Lys Thr	Pro Leu Phe Leu Ile	Phe Asp Lys Val Lys	Lys Glu Trp	
3590		3595		3600
Asp Gln	Phe Gln Asp Pro Val	Ala Val Ser Phe Asp	Thr Lys Ala	
3605		3610		3615

Trp Asp	Thr Gln Val Thr Ser	Arg Asp Leu Glu Leu	Ile Arg Asp
3620	3625	3630	
Ile Gln	Lys Tyr Tyr Phe Lys	Arg Lys Trp His Lys	Phe Leu Asp
3635	3640	3645	
Ala Ile	Thr Glu His Met Thr	Gln Val Pro Val Ile	Thr Ala Asp
3650	3655	3660	
Gly Glu	Val Tyr Ile Arg Glu	Gly Gln Arg Gly Ser	Gly Gln Pro
3665	3670	3675	
Asp Thr	Ser Ala Gly Asn Ser	Met Leu Asn Val Leu	Thr Met Ile
3680	3685	3690	
Tyr Ala	Phe Cys Glu Ser Thr	Gly Val Pro Tyr Arg	Ser Phe Asn
3695	3700	3705	
Arg Val	Ala Lys Ile His Val	Cys Gly Asp Asp Gly	Phe Leu Ile
3710	3715	3720	
Thr Glu	Lys Ser Leu Gly Leu	Lys Phe Ala Ser Arg	Gly Ala Gln
3725	3730	3735	
Ile Leu	His Glu Ala Gly Lys	Pro Gln Lys Ile Leu	Glu Gly Asp
3740	3745	3750	
Arg Met	Lys Val Ser His Arg	Phe Glu Asp Ile Glu	Phe Cys Ser
3755	3760	3765	
His Thr	Pro Val Pro Val Arg	Trp Ala Asp His Thr	Ser Ser Tyr
3770	3775	3780	
Met Ala	Gly Arg Asn Thr Ala	Thr Ile Leu Ser Lys	Met Ala Thr
3785	3790	3795	
Arg Leu	Asp Ser Ser Gly Asp	Arg Gly Thr Ala Ala	Tyr Glu Lys
3800	3805	3810	
Ala Val	Ala Phe Ser Phe Leu	Leu Met Tyr Ser Trp	Asn Pro Leu
3815	3820	3825	
Val Arg	Arg Leu Cys Leu Met	Val Met Ser Lys Thr	His Glu Val
3830	3835	3840	

Gln Pro Asn Lys Gln Ala Ile Tyr Cys Tyr Glu Gly Asp Pro Ile
3845 3850 3855

Ala Ala Tyr Arg Asp Val Ile Gly His Asn Leu Tyr Glu Leu Lys
3860 3865 3870

Arg Thr Gly Phe Glu Lys Leu Ala Ser Leu Asn Leu Ser Met Ser
3875 3880 3885

Val Leu Gly Ile Trp Thr Lys His Thr Ser Lys Arg Leu Ile Gln
3890 3895 3900

Asp Cys Ile Glu Val Gly Lys Gly Asp Gly Asn Gln Leu Val Asn
3905 3910 3915

Ala Asp Arg Leu Val Ser Ser Lys Thr Gly His Ile Tyr Val Pro
3920 3925 3930

Gly Ser Gly Tyr Val Val Gln Gly Arg His Tyr Glu Glu Leu Ser
3935 3940 3945

Ile Thr Lys Arg Pro Asp Arg Gln Thr Ser Asn Gly Leu Glu Arg
3950 3955 3960

Tyr Asn Leu Gly Pro Ile Val Asn Leu Val Leu Arg Arg Leu Arg
3965 3970 3975

Val Met Leu Met Ala Ser Ile Gly Arg Gly Ile
3980 3985

<210> 51
<211> 3895
<212> BIOROK
<213> Hemagglutinin BDV

<400> 51

Met Glu Leu Asn Lys Phe Glu Leu Leu Tyr Lys Thr Ser Lys Gln Lys
1 5 10 15

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

Tyr Gly Glu Arg Ser Thr Ile His Pro Gln Ser Thr Leu Lys Leu Pro
35 40 45

His Glu Arg Gly Val Ala Glu Val Val Thr Thr Leu Arg Asp Leu Pro
50 55 60

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

Ile Cys Thr Gly Val Pro Thr His Leu Ala Thr Asp Ala Glu Leu Lys
305 310 315 320

Gly Ile Gln Gly Met Met Asp Ala Ser Glu Lys Thr Asn Tyr Thr Cys
325 330 335

Cys Arg Leu Gln Arg His Glu Trp Asn Lys Tyr Gly Trp Cys Asn Trp
340 345 350

Tyr Asn Ile Asn Pro Trp Ile Trp Leu Met Asn Lys Thr Gln Ala Asn
355 360 365

Leu Thr Glu Gly Pro Pro Glu Lys Glu Cys Ala Val Thr Cys Arg Phe
370 375 380

Asp Lys Glu Ala Asp Ile Asn Ile Val Thr Gln Ala Arg Asp Arg Pro
385 390 395 400

Thr Thr Leu Thr Gly Cys Lys Lys Gly Lys Lys Phe Ser Phe Ala Gly
405 410 415

Met Ile Ile Glu Gly Pro Cys Asn Phe Asn Val Ser Val Glu Asp Ile
420 425 430

Leu Phe Gly Asp Asn Glu Cys Ser Ser Leu Phe Gln Asp Thr Ala Leu
435 440 445

Tyr Val Val Asp Gly Val Thr Asn Thr Val Glu Asn Ala Arg Gln Gly
450 455 460

Ala Ala Lys Leu Thr Ser Trp Leu Gly Lys Gln Leu Gly Ile Met Gly
465 470 475 480

Lys Lys Leu Glu His Lys Ser Lys Thr Trp Phe Gly Ala Asn Ala Gln
485 490 495

Ser Pro Tyr Cys Asn Val Thr Arg Lys Ile Gly Tyr Val Trp Tyr Thr
500 505 510

Asn Asn Cys Thr Pro Ala Cys Leu Pro Lys Asn Thr Lys Ile Ile Gly
515 520 525

Pro Gly Lys Phe Asp Thr Asn Ala Glu Asp Gly Lys Ile Leu His Glu
530 535 540

Met Arg Gly His Ile Ser Glu Phe Ile Leu Leu Ser Leu Val Val Leu
545 550 555 560

Ser Asp Phe Ala Pro Glu Thr Ala Ser Thr Leu Tyr Leu Val Leu His
565 570 575

Phe Ala Leu Pro Gln Thr His Glu Val Pro Ser Val Cys Asp Thr Asn
580 585 590

Gln Leu Asn Leu Thr Val Ser Leu Arg Val Asp Asp Val Ile Pro Ser
595 600 605

Ser Val Trp Asn Leu Gly Lys Tyr Val Cys Val Arg Pro Asp Trp Trp
610 615 620

Pro Tyr Glu Thr Thr Met Val Leu Leu Phe Glu Glu Ala Gly Gln Val
625 630 635 640

Val Lys Leu Val Leu Arg Ala Ile Arg Asp Leu Thr Arg Val Trp Asn
645 650 655

Ser Ala Ser Thr Thr Ala Phe Leu Ile Cys Leu Val Lys Val Leu Arg
660 665 670

Gly Gln Val Val Gln Gly Leu Val Trp Leu Leu Leu Val Thr Gly Ala
675 680 685

Gln Gly Gln Phe Ala Cys Arg Glu Asp Tyr Arg Tyr Ala Leu Ala Arg
690 695 700

Thr Lys Glu Ile Gly Ala Leu Gly Ala Glu Ser Leu Thr Thr Thr Trp
705 710 715 720

Thr Asp Tyr Arg Gly Asn Leu Glu Leu Asp Asp Gly Thr Val Arg Ala
725 730 735

Thr Cys Ser Arg Gly Phe Phe Arg Phe Arg Gly His Cys Met Ile Gly
740 745 750

Pro Arg Tyr Leu Ala Ser Leu His Leu Arg Ala Leu Pro Thr Ser Val
755 760 765

Thr Phe Glu Leu Ile Pro Gly Gly Ser Ala Met Thr Glu Glu Glu Met
770 775 780

Gly Asp Asp Phe Glu Phe Gly Leu Cys Pro Cys Asp Ser Arg Pro Val
785 790 795 800

Val Lys Gly Lys Tyr Asn Thr Thr Leu Leu Asn Gly Ser Ala Phe Gln
835 810 815

Leu Ile Cys Pro Tyr Gly Trp Val Gly Arg Val Glu Cys Thr Thr Val
820 825 830

Ser Lys Ser Thr Leu Ala Thr Glu Val Val Lys Ile Tyr Lys Lys Thr
835 840 845

Lys Pro Phe Pro Gln Arg Val Gly Cys Asp His Thr Thr Val Tyr Lys
850 855 860

Gln Asp Leu Tyr His Cys Gln Met Gly Gly Asn Trp Thr Cys Met Arg
865 870 875 880

Gly Glu Val Val Lys Tyr Val Gly Gly Pro Val Lys Lys Cys Glu Trp
885 890 895

Cys Gly Tyr Val Phe Lys Lys Arg Glu Gly Leu Pro His Tyr Pro Ile
900 905 910

Gly Arg Cys Met Leu Arg Asn Glu Thr Gly Tyr Arg Ser Val Asp Asp
915 920 925

Thr Pro Cys Asp Arg Gly Gly Val Val Ile Ser Lys Thr Gly Glu Leu
930 935 940

Gln Cys Leu Ile Gly Lys Thr Thr Val Lys Val Phe Ser Ser Asp Lys
945 950 955 960

Lys Leu Gly Pro Met Pro Cys Arg Pro Lys Glu Val Ile Ser Ser Glu
965 970 975

Gly Pro Val Ser Lys Ile Ala Cys Thr Phe Asn Tyr Ser Lys Thr Leu
980 985 990

Gln Asn Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg Asp Ser Tyr Phe Gln Gln Tyr Met
995 1000 1005

Leu Lys Gly Gln Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Glu Ala Thr Asp
1010 1015 1020

His His Ser Asp Tyr Phe Ala Glu Phe Ile Met Leu Ala Val Val
1025 1030 1035

Ala Leu	Leu Gly Gly Arg Tyr	Val Leu Trp Leu Met	Val Val Tyr
1040	1045	1050	
Met Ile	Leu Ala Asp Gln Met	Thr Ser Ala Ile Asn	Leu Gly Gln
1055	1060	1065	
Gly Glu	Val Val Leu Ile Gly	Asn Leu Ile Thr His	Glu Asp His
1070	1075	1080	
Glu Val	Val Val Tyr Phe Leu	Leu Leu Tyr Leu Ile	Val Lys Asp
1085	1090	1095	
Glu Pro	Val Lys Lys Trp Ile	Leu Phe Leu Phe His	Ala Met Thr
1100	1105	1110	
Asn Asn	Pro Val Lys Thr Ile	Ser Val Gly Leu Leu	Met Leu Ser
1115	1120	1125	
Gly Leu	Val Lys Gly Glu Gly	Ala Gly Met Thr Tyr	Trp Glu Gly
1130	1135	1140	
Leu Asp	Leu Gln Phe Thr Leu	Leu Val Met Ile Thr	Ala Ser Leu
1145	1150	1155	
Leu Val	Ala Arg Arg Asp Val	Thr Thr Tyr Pro Leu	Ile Ile Thr
1160	1165	1170	
Val Ile	Ala Leu Lys Thr Thr	Trp Val Asn Ser Gly	Pro Gly Ile
1175	1180	1185	
Asp Ala	Ala Ile Ala Thr Ile	Thr Thr Gly Leu Leu	Met Trp Thr
1190	1195	1200	
Phe Ile	Ser Asp Tyr Tyr Lys	Tyr Lys Gln Trp Thr	Gln Phe Leu
1205	1210	1215	
Ile Ser	Ile Val Ser Gly Ile	Phe Leu Ile Arg Thr	Leu Lys Trp
1220	1225	1230	
Ile Gly	Gly Leu Glu Leu His	Ala Pro Glu Leu Pro	Ser Tyr Arg
1235	1240	1245	
Pro Leu	Phe Phe Ile Leu Thr	Tyr Leu Ile Ser Ala	Ala Ile Val
1250	1255	1260	
Thr Arg	Trp Asn Leu Asp Ile	Ala Gly Val Leu Leu	Gln Cys Val
1265	1270	1275	

Pro Thr	Ile Leu Met Val Leu	Thr Leu Trp Ala Asp	Leu Leu Thr
1380	1385	1390	
Leu Ile	Leu Ile Leu Pro Thr	Tyr Glu Leu Ala Lys	Leu Tyr Tyr
1395	1300	1305	
Leu Lys	Gly Val Lys Asn Gly	Met Glu Arg Asn Trp	Leu Gly Arg
1310	1315	1320	
Ile Thr	Tyr Lys Arg Val Ser	Asp Val Tyr Glu Ile	Asp Glu Ser
1325	1330	1335	
Gln Glu	Ala Val Tyr Leu Phe	Pro Ser Lys Gln Lys	Glu Gly Thr
1340	1345	1350	
Ile Thr	Gly Gly Leu Leu Pro	Leu Ile Lys Ala Ile	Leu Ile Ser
1355	1360	1365	
Cys Ile	Ser Ser Lys Trp Gln	Cys Phe Tyr Leu Leu	Tyr Leu Val
1370	1375	1380	
Val Glu	Val Ser Tyr Tyr Leu	His Lys Lys Ile Ile	Glu Glu Val
1385	1390	1395	
Ala Gly	Gly Thr Asn Leu Ile	Ser Arg Leu Val Ala	Ala Leu Leu
1400	1405	1410	
Glu Val	Asn Trp Arg Phe Asp	Asn Glu Glu Thr Lys	Gly Leu Lys
1415	1420	1425	
Lys Phe	Tyr Leu Ile Ser Gly	Gln Val Lys Asn Leu	Ile Ile Lys
1430	1435	1440	
His Lys	Val Arg Asn Glu Val	Val Ala His Trp Phe	Asn Glu Glu
1445	1450	1455	
Glu Val	Tyr Gly Met Pro Lys	Leu Val Ser Val Val	Lys Ala Ala
1460	1465	1470	
Thr Leu	Asn Arg Ser Arg His	Cys Ile Leu Cys Thr	Val Cys Glu
1475	1480	1485	
Ser Arg	Asp Trp Lys Gly Glu	Thr Cys Pro Lys Cys	Gly Arg Phe
1490	1495	1500	

Gly Pro Ser Leu Ser Cys Gly Met Thr Leu Ser Asp Phe Glu Glu		
1505	1510	1515
Arg His Tyr Lys Lys Ile Phe Ile Arg Glu Asp Gln Ser Asp Gly		
1520	1525	1530
Pro Phe Arg Glu Glu Tyr Lys Gly Tyr Leu Gln Tyr Lys Ala Arg		
1535	1540	1545
Gly Gln Leu Phe Leu Arg Asn Leu Pro Ile Leu Ala Thr Lys Val		
1550	1555	1560
Lys Leu Leu Leu Val Gly Asn Leu Gly Ser Glu Val Gly Asp Leu		
1565	1570	1575
Glu His Leu Gly Trp Ile Leu Arg Gly Pro Ala Val Cys Lys Lys		
1580	1585	1590
Ile Ile Asp His Glu Arg Cys His Val Ser Ile Met Asp Lys Leu		
1595	1600	1605
Thr Ala Phe Phe Gly Ile Met Pro Arg Gly Thr Thr Pro Arg Ala		
1610	1615	1620
Pro Ile Arg Phe Pro Thr Ser Leu Leu Arg Ile Arg Arg Gly Leu		
1625	1630	1635
Glu Thr Gly Trp Ala Tyr Thr His Gln Gly Gly Ile Ser Ser Val		
1640	1645	1650
Asp His Val Thr Ala Gly Lys Asp Leu Leu Val Cys Asp Ser Met		
1655	1660	1665
Gly Arg Thr Arg Val Val Cys Gln Ser Asn Asn Arg Met Thr Asp		
1670	1675	1680
Glu Thr Glu Tyr Gly Val Lys Thr Asp Ser Gly Cys Pro Glu Gly		
1685	1690	1695
Ala Arg Cys Tyr Val Phe Asn Pro Glu Ala Val Asn Ile Ser Gly		
1700	1705	1710
Thr Lys Gly Ala Met Val His Leu Gln Lys Thr Gly Gly Glu Phe		
1715	1720	1725
Thr Cys Val Thr Ala Ser Gly Thr Pro Ala Phe Phe Asp Leu Lys		
1730	1735	1740

Asn	Leu	Lys	Gly	Trp	Ser	Gly	Leu	Pro	Ile	Phe	Glu	Ala	Ser	Ser
1745						1750					1755			
Gly	Arg	Val	Val	Gly	Arg	Val	Lys	Val	Gly	Lys	Asn	Glu	Glu	Ser
1760						1765					1770			
Lys	Pro	Thr	Lys	Leu	Met	Ser	Gly	Ile	Gln	Thr	Val	Ser	Lys	Ser
1775						1780					1785			
Thr	Thr	Asp	Leu	Thr	Asp	Met	Val	Lys	Lys	Ile	Thr	Thr	Met	Asn
1790						1795					1800			
Arg	Gly	Glu	Phe	Lys	Gln	Ile	Thr	Leu	Ala	Thr	Gly	Ala	Gly	Lys
1805						1810					1815			
Thr	Thr	Glu	Leu	Pro	Arg	Ala	Val	Ile	Glu	Glu	Ile	Gly	Arg	His
1820						1825					1830			
Lys	Arg	Val	Leu	Val	Leu	Ile	Pro	Leu	Arg	Ala	Ala	Ala	Glu	Ser
1835						1840					1845			
Val	Tyr	Gln	Tyr	Met	Arg	Gln	Lys	His	Pro	Ser	Ile	Ala	Phe	Asn
1850						1855					1860			
Leu	Arg	Ile	Gly	Glu	Met	Lys	Gln	Gly	Asp	Met	Ala	Thr	Gly	Ile
1865						1870					1875			
Thr	Tyr	Ala	Ser	Tyr	Gly	Tyr	Phe	Cys	Gln	Met	Pro	Gln	Pro	Lys
1880						1885					1890			
Leu	Arg	Ala	Ala	Met	Val	Glu	Tyr	Ser	Tyr	Ile	Phe	Leu	Asp	Glu
1895						1900					1905			
Tyr	His	Cys	Ala	Thr	Pro	Glu	Gln	Leu	Ala	Ile	Ile	Gly	Lys	Ile
1910						1915					1920			
His	Arg	Phe	Ser	Glu	Gln	Leu	Arg	Val	Val	Ala	Met	Thr	Ala	Thr
1925						1930					1935			
Pro	Ala	Gly	Thr	Val	Thr	Thr	Thr	Gly	Gln	Lys	His	Pro	Ile	Glu
1940						1945					1950			
Glu	Phe	Ile	Ala	Pro	Gln	Val	Met	Lys	Gly	Glu	Asp	Leu	Gly	Ser
1955						1960					1965			
Glu	Phe	Leu	Glu	Ile	Ala	Gly	Leu	Lys	Ile	Pro	Thr	Glu	Glu	Met
1970						1975					1980			

Lys Gly	Asn Met	Leu Val	Phe	Val Pro Thr Arg	Asn Met Ala Val
1985			1990		1995
Glu Thr	Ala Lys	Lys Leu	Lys	Ala Lys Gly Tyr	Asn Ser Gly Tyr
2000			2005		2010
Tyr Tyr	Ser Gly	Glu Asp	Pro	Ala Asn Leu Arg	Val Val Thr Ser
2015			2020		2025
Gln Ser	Pro Tyr	Val Val	Val	Ala Thr Asn Ala Ile	Glu Ser Gly
2030				2035	2040
Val Thr	Leu Pro	Asp Leu	Asp	Val Val Val Asp	Thr Gly Leu Lys
2045			2050		2055
Cys Glu	Lys Arg	Ile Arg	Leu	Ser Ser Lys Met	Pro Phe Ile Val
2060			2065		2070
Thr Gly	Leu Lys	Arg Met	Ala	Val Thr Ile Gly	Glu Gln Ala Gln
2075			2080		2085
Arg Arg	Gly Arg	Val Gly	Arg	Val Lys Pro Gly	Arg Tyr Tyr Arg
2090			2095		2100
Ser Gln	Glu Thr	Ala Val	Gly	Ser Lys Asp Tyr	His Tyr Asp Leu
2105			2110		2115
Leu Gln	Ala Gln	Arg Tyr	Gly	Ile Glu Asp Gly	Ile Asn Ile Thr
2120			2125		2130
Lys Ser	Phe Arg	Glu Met	Asn	Tyr Asp Trp Ser	Leu Tyr Glu Glu
2135			2140		2145
Asp Ser	Leu Met	Ile Thr	Gln	Leu Glu Ile Leu	Asn Asn Leu Leu
2150			2155		2160
Ile Ser	Glu Glu	Leu Pro	Val	Ala Val Lys Asn	Ile Met Ala Arg
2165			2170		2175
Thr Asp	His Pro	Glu Pro	Ile	Gln Leu Ala Tyr	Asn Ser Tyr Glu
2180			2185		2190
Val Gln	Val Pro	Val Leu	Phe	Pro Lys Ile Arg	Asn Gly Glu Val
2195			2200		2205

Thr	Asp	Ser	Tyr	Asp	Ser	Tyr	Ser	Phe	Leu	Asn	Ala	Arg	Lys	Leu
2210						2215						2220		
Gly	Asp	Asp	Val	Pro	Ala	Tyr	Val	Tyr	Ala	Thr	Glu	Asp	Glu	Asp
2225						2230					2235			
Leu	Ala	Val	Glu	Leu	Leu	Gly	Met	Asp	Trp	Pro	Asp	Pro	Gly	Asn
2240						2245					2250			
Gln	Gly	Thr	Val	Glu	Thr	Gly	Arg	Ala	Leu	Lys	Gln	Val	Thr	Gly
2255						2260					2265			
Leu	Ser	Ala	Ala	Glu	Asn	Ala	Leu	Leu	Val	Ala	Leu	Phe	Gly	Tyr
2270						2275					2280			
Val	Gly	Tyr	Gln	Ala	Leu	Ser	Lys	Arg	His	Val	Pro	Met	Val	Thr
2285						2290					2295			
Asp	Ile	Tyr	Ser	Ile	Glu	Asp	His	Arg	Leu	Glu	Asp	Thr	Thr	His
2300						2305					2310			
Leu	Gln	Phe	Ala	Pro	Asn	Ala	Ile	Arg	Thr	Asp	Gly	Lys	Glu	Thr
2315						2320					2325			
Glu	Leu	Lys	Glu	Leu	Ala	Gln	Gly	Asp	Ile	Gln	Arg	Cys	Ala	Glu
2330						2335					2340			
Ala	Met	Val	Gly	Tyr	Ala	Gln	Gln	Gly	Val	Gln	Phe	Ile	Lys	Thr
2345						2350					2355			
Gln	Ala	Leu	Lys	Val	Gln	Glu	Asn	His	Val	Phe	Lys	Asp	Ser	Ala
2360						2365					2370			
Asp	Thr	Ile	Val	Glu	Tyr	Val	Asp	Lys	Phe	Met	Lys	Ala	Ile	Ala
2375						2380					2385			
Glu	Ser	Lys	Asp	Asp	Ile	Leu	Arg	Tyr	Gly	Leu	Trp	Gly	Ala	His
2390						2395					2400			
Thr	Ala	Leu	Tyr	Lys	Ser	Ile	Gly	Ala	Arg	Leu	Gly	Tyr	Glu	Thr
2405						2410					2415			
Ala	Phe	Ala	Thr	Leu	Val	Ile	Lys	Trp	Leu	Ala	Phe	Gly	Gly	Glu
2420						2425					2430			
Ser	Ile	Asn	Asp	His	Val	Lys	Gln	Ala	Ala	Thr	Asp	Leu	Val	Val
2435						2440					2445			

Gln Gln Glu Gly Arg Lys Phe Val Ala Ser Leu Leu Val Ser Ala
2465 2470 2475

Leu Ala Thr Tyr Thr Tyr Lys Ser Trp Asn Tyr Ser Asn Leu Ser
2480 2485 2490

Lys Val Val Glu Pro Ala Leu Ala Cys Leu Pro Tyr Ala Ser Gln

2495 2500 2505

Ala Leu Lys Leu Phe Ala Pro Thr Arg Leu Glu Ser Val Val Ile
2510 2515 2520

Leu Ser Thr Ala Ile Tyr Lys Thr Tyr Leu Ala Ile Arg Arg Gly
2525 2530 2535

Arg Ser Asp Gly Leu Leu Gly Thr Gly Val Ser Ala Ala Met Glu
2540 2545 2550

Ile Met Ser Gln Asn Pro Val Ser Val Gly Ile Ala Val Met Leu
2555 2560 2565

Gly Val Gly Ala Val Ala Ala His Asn Ala Ile Glu Ser Ser Glu
2570 2575 2580

Gln Lys Arg Thr Leu Leu Met Lys Val Phe Val Lys Asn Phe Leu
2585 2590 2595

Asp Gln Ala Ala Thr Asp Glu Leu Val Lys Glu Ser Pro Glu Lys
2600 2605 2610

Ile Ile Thr Ala Leu Phe Glu Ala Val Gln Thr Val Gly Asn Pro
2615 2620 2625

Leu Arg Leu Ile Tyr His Leu Tyr Gly Val Phe Tyr Lys Gly Trp
2630 2635 2640

Glu Ala Lys Glu Val Ala Glu Lys Thr Ala Gly Arg Asn Leu Phe
2645 2650 2655

Thr Leu Ile Met Phe Glu Ala Val Glu Leu Leu Gly Val Asp Ser
2660 2665 2670

Glu Gly	Lys Met Arg Arg	Leu	Ser Gly Asn Tyr	Leu	Ile Glu Leu
2675		2680		2685	
Leu Gln	Lys Leu His Asp	Gly	Phe Arg Ile Ser	Ile	Lys Lys Phe
2690		2695		2700	
Ala Leu	Gly Trp Ala Pro	Gly	Pro Phe Ser Cys	Asn	Trp Thr Pro
2705		2710		2715	
Ala Asp	Asn Arg Ile Arg	Leu	Pro His Glu Asn	Tyr	Leu Arg Val
2720		2725		2730	
Val Thr	Arg Cys Arg Cys	Gly	Tyr Arg Thr Lys	Ala	Val Lys Asn
2735		2740		2745	
Cys Ala	Gly Glu Leu Ile	Leu	Glu Glu Glu Glu	Gly	Ser Phe Phe
2750		2755		2760	
Cys Arg	Asn Lys Phe Gly	Arg	Gly Ala Pro Asn	Tyr	Lys Val Thr
2765		2770		2775	
Lys Phe	Tyr Asp Gly Asn	Leu	Glu Glu Ile Arg	Ala	Arg Leu Lys
2780		2785		2790	
Leu Glu	Gly Gln Val Glu	Met	Tyr Tyr Lys Gly	Ala	Thr Ile Lys
2795		2800		2805	
Ile Asp	Tyr Ser Asn Asn	Lys	Leu Ile Leu Ala	Thr	Asp Lys Trp
2810		2815		2820	
Glu Val	Glu His Ser Tyr	Ile	Thr Arg Leu Thr	Lys	Arg Tyr Thr
2825		2830		2835	
Gly Ala	Gly Tyr Lys Gly	Ala	Phe Leu Gly Asp	Glu	Pro Asn His
2840		2845		2850	
Lys Ser	Leu Ile Glu Arg	Thr	Cys Ala Thr Val	Cys	Lys Asp Lys
2855		2860		2865	
Ile Tyr	Phe Ser Lys Met	Lys	Lys Gly Cys Ala	Phe	Thr Tyr Asp
2870		2875		2880	
Leu Ser	Leu Ser Asn Leu	Val	Arg Leu Val Asp	Leu	Val His Arg
2885		2890		2895	
Asn Lys	Leu Glu Glu Lys	Asp	Ile Pro Glu Arg	Thr	Val Thr Thr
2900		2905		2910	

Trp Leu Ala Tyr Thr Phe Val Asn Glu Asp Val Gly Thr Ile Lys
2915 2920 2925

Pro Val Leu Gly Glu Lys Val Ile Pro Glu Glu Ser Asp Glu Ile
2930 2935 2940

Asn Leu Gln Pro Thr Val Thr Val Asn Met Ser Lys Cys Gln Val
2945 2950 2955

Thr Val Val Gly Glu Ala Lys Asn Met Thr Thr Gly Val Val Pro

2960 2965 2970

Leu Thr Val Thr Lys Glu Ala Cys Asn Gly Gln Asp Arg Ser Val
2975 2980 2985

Leu Asn Ile Gly Met Glu Glu Gly Glu Tyr Pro Gly Pro Ala Val
2990 2995 3000

Ser Thr Val Thr Val Gly Glu Ala Val Gln Ser Lys Asp Val Arg
3005 3010 3015

Pro Tyr Val Leu Val Ile Gly Ser Asn Lys Ala Thr Ser Asn Arg
3020 3025 3030

Ala Lys Thr Ala Lys Asn Val Lys Leu Tyr Lys Gly Gly Asp Ala
3035 3040 3045

Val Glu Val Arg Asp Leu Ile Lys Lys Gly Glu Met Leu Val Val
3050 3055 3060

Ala Leu Ala Asp Val Glu Gln Asp Leu Leu Glu Tyr Val Asp Tyr
3065 3070 3075

Lys Gly Thr Phe Leu Thr Arg Glu Thr Leu Glu Ala Leu Ser Leu
3080 3085 3090

Gly Lys Pro Lys Ala Lys Asn Ile Thr Lys Ala Asp Ala His Arg
3095 3100 3105

Leu Leu Asn Pro Glu Lys Glu Gln Ile Gly Leu Pro Asp Trp Phe
3110 3115 3120

Thr Ala Thr Glu Pro Ile Phe Leu Glu Ala Met Ile Lys Gln Glu
3125 3130 3135

Lys Tyr His Ile Thr Gly Asp Val Ala Thr Val Lys Asp Lys Ala
3140 3145 3150

Lys Gln	Leu Gly	Ala Thr	Asp	Ser Thr	Arg Ile	Val	Lys Glu	Val
3155			3160			3165		
Gly Ala	Arg Val	Tyr Thr	Met	Lys Leu	Asn Ser	Trp	Ala Leu	Gln
3170			3175			3180		
Ala Glu	Arg Gly	Asp Ala	Asn	Leu Lys	Pro Leu	Phe	Glu Glu	Leu
3185			3190			3195		
Leu Leu	Gln Cys	Pro Pro	Gly	Arg Thr	Val Lys	Gly	Gly Thr	Met
3200			3205			3210		
Val Ser	Ala Tyr	Gln Leu	Ala	Gln Gly	Asn Trp	Thr	Pro Thr	Ser
3215			3220			3225		
Cys Lys	Val Tyr	Met Gly	Thr	Ile Thr	Ala Lys	Arg	Val Lys	Ile
3230			3235			3240		
His Pro	Tyr Glu	Ala Tyr	Ile	Lys Leu	Lys Glu	Leu	Ile Glu	Glu
3245			3250			3255		
Tyr Asn	Met Lys	Arg Val	Thr	Gly Asp	Thr Gly	Leu	Lys Arg	His
3260			3265			3270		
Asn Glu	Trp Ile	Leu Lys	Arg	Ile Lys	His His	Gly	Asn Leu	Arg
3275			3280			3285		
Thr Lys	Lys Ile	Leu Asn	Pro	Gly Lys	Val Ala	Glu	Gln Leu	Ser
3290			3295			3300		
Arg Glu	Gly His	Lys His	Asn	Val Tyr	Asn Lys	Ile	Ile Gly	Ser
3305			3310			3315		
Thr Met	Ala Ser	Val Gly	Ile	Lys Leu	Glu Lys	Leu	Pro Val	Val
3320			3325			3330		
Arg Ala	Gln Thr	Asp Thr	Thr	Phe Phe	His Gln	Ala	Ile Arg	Asp
3335			3340			3345		
Lys Ile	Asp Lys	Glu Glu	Asn	Pro Gln	Thr Pro	Asp	Leu His	Lys
3350			3355			3360		
Glu Leu	Lys Glu	Val Phe	Asn	Ala Leu	Lys Ile	Pro	Glu Leu	Ala
3365			3370			3375		

Ala Thr	Tyr Asp	Ala Val	Glu	Trp Glu	Glu Leu	Glu Thr	Gly Ile
3380			3385			3390	
Asn Arg	Lys Gly	Ala Ala	Gly	Phe Phe	Glu Arg	Lys	Asn Ile
3395			3400			3405	Gly
Glu Ile	Leu Asp	Thr Glu	Lys	Asn Lys	Val Glu	Asp	Ile Ile
3410			3415			3420	Arg
Asp Leu	Lys Ser	Gly Arg	Pro	Ile Lys	Tyr Tyr	Glu	Thr Ala
							Ile
3425			3430			3435	
Pro Lys	Asn Glu	Lys Arg	Asp	Val Asn	Asp Asp	Trp	Glu Ser
3440			3445			3450	Gly
Asp Phe	Val Asp	Glu Lys	Lys	Pro Arg	Val Ile	Gln	Tyr Pro
3455			3460			3465	Glu
Ala Lys	Val Arg	Leu Ala	Ile	Thr Lys	Val Met	Tyr	Lys Trp
3470			3475			3480	Val
Lys Gln	Lys Pro	Val Val	Ile	Pro Gly	Tyr Glu	Gly	Lys Thr
3485			3490			3495	Pro
Leu Phe	Glu Ile	Phe Asp	Lys	Val Lys	Lys Glu	Trp	Gly Ser
3500			3505			3510	Phe
Asp Asn	Pro Val	Ala Val	Ser	Phe Asp	Thr Lys	Ala	Trp Asp
3515			3520			3525	Thr
Gln Val	Thr Ser	Lys Ser	Leu	Glu Leu	Ile Arg	Asp	Ile Gln
3530			3535			3540	Lys
Tyr Tyr	Phe Lys	Lys Glu	Trp	His Lys	Phe Ile	Glu	Thr Ile
3545			3550			3555	Thr
Glu His	Met Val	Glu Val	Pro	Val Val	Thr Ala	Asp	Gly Glu
3560			3565			3570	Val
Tyr Ile	Ser Glu	Gly Gln	Arg	Gly Ser	Gly Gln	Pro	Asp Thr
3575			3580			3585	Ser
Ala Gly	Asn Ser	Met Leu	Asn	Val Leu	Thr Met	Val	Tyr Ala
3590			3595			3600	Phe

Cys Arg	Ala Thr Gly Val	Pro Tyr Lys Ser Phe Lys	Arg Val Ala
3605		3610	3615
Lys Ile	His Val Cys Gly Asp	Asp Gly Phe Leu Ile	Thr Glu Lys
3620		3625	3630
Ser Leu	Gly Glu Lys Phe Ala	Ser Lys Gly Ile Gln	Ile Leu His
3635		3640	3645
Glu Ala	Gly Lys Pro Gln Lys	Ile Thr Glu Gly Asp	Arg Met Lys
3650		3655	3660
Val Ala	Tyr Lys Phe Glu Asp	Ile Glu Phe Cys Ser	His Thr Pro
3665		3670	3675
Val Pro	Val Arg Trp Ser Asp	Asn Thr Thr Ser Tyr	Met Pro Gly
3680		3685	3690
Arg Asn	Thr Ala Thr Ile Leu	Ala Lys Met Ala Thr	Arg Leu Asp
3695		3700	3705
Ser Ser	Gly Glu Arg Gly Thr	Thr Ala Tyr Glu Lys	Ala Val Ala
3710		3715	3720
Phe Ser	Phe Leu Leu Met Tyr	Ser Trp Asn Pro Leu	Val Arg Arg
3725		3730	3735
Ile Cys	Leu Leu Thr Leu Ser	Ser Glu Leu Gly Thr	Lys Pro Ser
3740		3745	3750
Lys Arg	Thr Thr Tyr Tyr Tyr	Glu Gly Asp Pro Ile	Ser Ala Tyr
3755		3760	3765
Arg Glu	Val Ile Gly His Asn	Leu Leu Asp Leu Lys	Arg Thr Gly
3770		3775	3780
Leu Glu	Lys Leu Ala Leu Leu	Asn Leu Ser Met Ser	Thr Leu Gly
3785		3790	3795
Ile Trp	Thr Lys His Ile Ser	Lys Arg Leu Leu Gln	Asp Cys Val
3800		3805	3810
Asp Val	Gly Ser Lys Asp Gly	Asn Trp Leu Val Asn	Ala Asp Arg
3815		3820	3825

Pro Glu Ser Arg Lys Thr Gly Lys Val Tyr Leu Gln Ser Gly Gly
3830 3835 3840

His Thr Val Arg Gly Arg His Tyr Glu Asp Leu Ile Leu Pro Arg
3845 3850 3855

Met Val Lys Pro Thr Phe Gln Gly Val Asp Arg Tyr Lys Leu Gly
3860 3865 3870

Pro Ile Val Asn Val Ile Phe Arg Arg Leu Arg Val Met Met Met
3875 3880 3885

Ala Leu Val Gly Arg Gly Met

3890

3895

<210> 52
<211> 3895
<212> БИОМ
<213> Нонинпротеин нестисвирусу олена

<400> 52

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

Pro Val Gly Val Ile Glu Pro Val Tyr Asn Gln Ala Gly Glu Pro Leu
20 25 30

Phe Gly Glu Ile Ser Glu Ile His Pro Gln Ser Thr Leu Lys Leu Pro
35 40 45

His Asp Arg Gly Arg Ala Glu Ile Ala Ile Pro Met Lys Ser Leu Pro
50 55 60

Lys Lys Gly Asp Cys Arg Ser Gly Asn Arg Arg Ala Pro Val Ser Gly
65 70 75 80

Ile Tyr Ile Lys Pro Gly Pro Val Phe Tyr Gln Asp Tyr Gln Gly Pro
85 90 95

Val Tyr His Arg Ala Pro Leu Glu Leu Phe Thr Arg Thr Gln Phe Cys
100 105 110

Glu Val Thr Lys Arg Val Gly Arg Val Thr Gly Ser Asp Gly Lys Leu
115 120 125

Tyr His Leu Tyr Val Cys Ile Asp Gly Cys Val Leu Leu Lys Ser Ala
130 135 140

Ser Arg Ile Arg Gly Pro Ala Leu Lys Trp Thr His Asn Ile Leu Asp
 145 150 155 160
 Cys Pro Leu Trp Val Thr Ser Cys Ser Asp Asp Asn Lys Gly Glu Lys
 165 170 175
 Val Ser Asp Lys Lys Pro Asp Arg Val Lys Arg Gly Ala Met Lys Ile
 180 185 190
 Thr Pro Lys Glu Ser Glu Lys Asp Ser Lys Ser Lys Pro Pro Asp Ala
 195 200 205
 Thr Ile Val Val Glu Gly Ile Lys Tyr Gln Val Lys Lys Lys Gly Lys
 210 215 220
 Val Arg Gly Lys Asn Thr Gln Asp Gly Leu Tyr His Asn Lys Asn Lys
 225 230 235 240
 Pro Pro Glu Ser Arg Lys Lys Leu Glu Lys Ala Leu Leu Ala Trp Ala
 245 250 255
 Leu Val Ala Ile Leu Ile Pro Leu Pro Val Leu Ser Glu Asn Ile Thr
 260 265 270
 Gln Trp Asn Leu Ser Asp Asn Gly Thr Ser Gly Val Gln His Ala Met
 275 280 285
 Tyr Leu Arg Gly Val Asn Arg Ser Leu His Gly Ile Trp Pro Glu Lys
 290 295 300
 Ile Cys Thr Gly Val Pro Thr His Leu Ala Thr Asp Leu Glu Leu Lys
 305 310 315 320
 Gly Ile Arg Gly Met Met Asp Ala Ser Glu Lys Thr Asn Tyr Thr Cys
 325 330 335
 Cys Arg Leu Gln Arg His Glu Trp Asn Lys His Gly Trp Cys Asn Trp
 340 345 350
 Tyr Asn Ile Asp Pro Trp Ile Trp Leu Met Asn Lys Thr Gln Ala Asn
 355 360 365
 Leu Thr Asn Gly Pro Pro Glu Lys Glu Cys Ala Val Thr Cys Arg Tyr
 370 375 380
 Asp Lys Glu Thr Asp Val Asn Ile Val Thr Gln Ala Arg Asp Arg Pro
 385 390 395 400

Thr Thr Leu Thr Gly Cys Lys Lys Gly Lys Lys Phe Ser Phe Ala Gly
 405 410 415

Val Val Leu Gln Gly Pro Cys Asn Phe Asn Val Ser Val Gln Asp Ile
 420 425 430

Leu Phe Gly Asp Asn Gln Cys Ser Thr Leu Phe Gln Asp Thr Ala Leu
 435 440 445

Tyr Val Val Asp Gly Val Thr Asn Thr Val Glu Asn Ala Arg Gln Gly
 450 455 460

Ala Ala Lys Leu Thr Ser Trp Leu Gly Lys Gln Leu Gly Ile Met Gly
465 470 475 480

Lys Lys Leu Glu His Lys Ser Lys Thr Trp Phe Gly Ala Asn Ala Gln
485 490 495

Ser Pro Tyr Cys Asn Val Thr Lys Lys Leu Gly Tyr Ile Trp Tyr Thr
500 505 510

Asn Asn Cys Thr Pro Ala Cys Leu Pro Arg Asn Thr Lys Ile Val Gly
515 520 525

Pro Gly Lys Phe Asp Thr Asn Ala Glu Asp Gly Lys Ile Leu His Glu
530 535 540

Met Arg Gly His Ile Ser Glu Phe Leu Leu Leu Ser Leu Val Val Leu
545 550 555 560

Ser Asp Phe Ala Pro Glu Thr Ala Ser Thr Leu Tyr Leu Ile Leu His
565 570 575

Phe Thr Ile Pro Gln Ser His Glu Ala Pro Ser Glu Cys Asp Thr Asn
580 585 590

Gln Leu Asn Leu Thr Ile Gly Leu Arg Val Asp Glu Val Val Pro Ser
595 600 605

Ser Val Trp Asn Leu Gly Lys Tyr Val Cys Val Arg Pro Asp Trp Trp
610 615 620

Pro Tyr Glu Thr Thr Val Val Leu Leu Cys Glu Glu Ala Gly Gln Val
625 630 635 640

Ile Lys Leu Val Leu Arg Ala Ile Arg Asp Leu Thr Arg Val Trp Asn
645 650 655

Ser Ala Ser Thr Thr Ala Phe Leu Ile Cys Leu Ile Lys Val Leu Arg
660 665 670

Gly Gln Ile Val Gln Gly Leu Ile Trp Leu Leu Leu Val Thr Gly Ala
675 680 685

Asn Gly Gln Phe Ser Cys Arg Glu Gly Tyr Arg Tyr Ala Leu Ala Lys
690 695 700

```

Thr Lys Asp Val Gly Pro Leu Gly Ala Glu Ser Leu Thr Thr Thr Trp
705                      710                      715                      720

Val Asp Tyr Lys Arg Asn Leu Gln Leu Asp Asp Gly Thr Val Arg Ala
725                      730                      735

Val Cys Ser Asn Gly Tyr Phe Arg Ile Arg Pro Thr Cys Leu Ile Gly
740                      745                      750

Ser Arg Phe Ile Ala Ser Leu His Gln Arg Ala Leu Pro Thr Ser Val
755                      760                      765

Thr Phe Glu Leu Ile Pro Arg Gly Ser Ala Met Val Thr Glu Glu Met
770                      775                      780

Asn Asp Ser Phe Glu Phe Gly Leu Cys Pro Cys Asp Ser Lys Pro Val
785                      790                      795                      800

Val Lys Gly Lys Tyr Asn Ala Thr Leu Leu Asn Gly Ser Ala Phe Gln
805                      810                      815

Leu Val Cys Pro Phe Gly Trp Val Gly Arg Val Glu Cys Thr Ala Val
820                      825                      830

Ser Thr Ser Thr Leu Ala Thr Glu Val Ile Lys Ile Tyr Lys Arg Ser
835                      840                      845

Thr Pro Phe Pro Tyr Arg Thr Gly Cys Asp His Thr Thr Val Ile Asn
850                      855                      860

Lys Asp Leu Tyr Arg Cys Ser Met Gly Gly Asn Trp Thr Cys Ile Lys
865                      870                      875                      880

Gly Glu Gln Val Arg Tyr Thr Gly Gly Val Val Thr Lys Cys Lys Trp
885                      890                      895

Cys Asp Tyr Val Phe Lys Glu Gly Asp Gly Leu Asp His Tyr Pro Ile
900                      905                      910

Gly Lys Cys Met Leu Lys Asn Glu Thr Gly Tyr Arg Leu Val Asp Asp
915                      920                      925

Thr Pro Cys Asp Arg Gly Gly Val Val Ile Ser Lys Thr Gly Thr Leu
930                      935                      940

Glu Cys Leu Ile Gly Lys Thr Thr Val Lys Val Tyr Ser Ser Asn Asp
945                      950                      955                      960

```


Lys Leu Gly Ala Met Pro Cys Lys Pro Lys Glu Ile Ile Ser Ser Glu
 965 970 975
 Gly Pro Ile Ser Lys Thr Ala Cys Thr Phe Asn Tyr Ser Lys Thr Leu
 980 985 990
 Lys Asn Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg Asp Ser Tyr Phe Gln Gln Tyr Met
 995 1000 1005
 Leu Lys Gly Glu Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Asp Ala Thr Asp
 1010 1015 1020
 His His Thr Asp Tyr Phe Ala Glu Phe Ile Val Leu Ala Val Val
 1025 1030 1035
 Ala Leu Leu Gly Gly Arg Tyr Val Leu Trp Leu Leu Val Ile Tyr
 1040 1045 1050
 Thr Val Leu Thr Glu Gln Met Ala Ala Ala Met Ser Leu Asp Gln
 1055 1060 1065
 Gly Glu Val Val Leu Ile Gly Asn Leu Ile Thr His Glu Asn His
 1070 1075 1080
 Glu Val Val Val Tyr Phe Phe Leu Leu Tyr Leu Val Met Lys Asp
 1085 1090 1095
 Glu Pro Ile Lys Lys Trp Ile Leu Phe Leu Phe His Ala Met Thr
 1100 1105 1110
 Asn Asn Pro Met Lys Thr Val Ala Val Gly Leu Leu Met Leu Ser
 1115 1120 1125
 Gly Val Val Arg Gly Asp Thr Ala Glu Thr Val Glu Ala Gly Ser
 1130 1135 1140
 Ile Asp Leu Gln Phe Ile Leu Leu Val Ala Ile Thr Ala Ser Leu
 1145 1150 1155
 Leu Val Ala Arg Arg Asp Ala Thr Thr Tyr Pro Leu Ile Ile Thr
 1160 1165 1170
 Val Val Ala Leu Arg Thr Thr Trp Val Asn Ser Gly Pro Gly Leu
 1175 1180 1185

Asp Val	Ala Ile	Ala Ser	Leu Thr	Thr Gly	Leu Leu	Met Trp	Thr
1190			1195		1200		
Phe Ile	Ser Asp	Tyr His	Lys Tyr	Lys Arg	Trp Leu	Gln Phe	Ser
1205			1210		1215		
Ile Ser	Ile Val	Ser Gly	Ile Phe	Ile Ile	Arg Thr	Leu Lys	Trp
1220			1225		1230		
Val Gly	Gly Ala	Glu Leu	Ser Val	Pro Glu	Leu Pro	Ser Tyr	Arg
1235			1240		1245		
Pro Leu	Phe Phe	Ile Leu	Thr Tyr	Leu Ile	Ser Thr	Ala Val	Val
1250			1255		1260		
Thr Arg	Trp Asn	Leu Asp	Ile Ala	Gly Ala	Leu Leu	Gln Cys	Val
1265			1270		1275		
Pro Thr	Leu Leu	Met Val	Met Thr	Leu Trp	Ala Asp	Leu Leu	Thr
1280			1285		1290		
Leu Val	Leu Ile	Leu Pro	Thr Tyr	Glu Leu	Thr Lys	Leu Tyr	Tyr
1295			1300		1305		
Leu Lys	Gly Val	Lys Gln	Gly Met	Glu Arg	Asn Trp	Leu Gly	Lys
1310			1315		1320		
Val Ser	Tyr Lys	Arg Val	Ser Asp	Ile Tyr	Glu Ile	Asp Glu	Ser
1325			1330		1335		
Gln Glu	Ala Val	Tyr Leu	Phe Pro	Ser Lys	Gln Lys	Gly Gly	Ser
1340			1345		1350		
Ile Thr	Gly Gly	Leu Leu	Pro Leu	Leu Lys	Ala Ile	Leu Ile	Ser
1355			1360		1365		
Cys Val	Ser Ser	Lys Trp	Gln Cys	Phe Tyr	Leu Leu	Tyr Leu	Val
1370			1375		1380		
Ile Glu	Leu Ser	Tyr Tyr	Leu His	Lys Lys	Ile Ile	Glu Lys	Ile
1385			1390		1395		
Ala Gly	Gly Thr	Asn Leu	Ile Ser	Arg Leu	Ile Ala	Ala Leu	Leu
1400			1405		1410		
Glu Val	Thr Trp	Glu Phe	Asp Asp	Lys Glu	Thr Arg	Gly Leu	Lys
1415			1420		1425		

Lys	Phe	Tyr	Leu	Leu	Ser	Ser	Arg	Val	Arg	Ser	Leu	Ile	Ile	Lys
1430						1435					1440			
His	Lys	Val	Arg	Asn	Glu	Val	Met	Val	His	Trp	Phe	Glu	Glu	Glu
1445						1450					1455			
Glu	Val	Tyr	Gly	Met	Pro	Lys	Leu	Val	Ser	Val	Val	Lys	Ser	Ala
1460						1465					1470			
Thr	Leu	Asn	Lys	Ser	Arg	His	Cys	Ile	Leu	Cys	Thr	Val	Cys	Glu
1475						1480					1485			
Asn	Arg	Glu	Trp	Lys	Gly	Glu	Thr	Cys	Pro	Lys	Cys	Gly	Arg	Cys
1490						1495					1500			
Gly	Pro	Pro	Val	Ser	Cys	Gly	Met	Thr	Leu	Ser	Asp	Phe	Glu	Glu
1505						1510					1515			
Arg	His	Tyr	Lys	Arg	Ile	Phe	Val	Arg	Glu	Asp	Gln	Ser	Glu	Gly
1520						1525					1530			
Pro	Phe	Arg	Glu	Glu	Tyr	Lys	Gly	Tyr	Leu	Gln	Tyr	Arg	Ala	Arg
1535						1540					1545			
Gly	Gln	Leu	Phe	Leu	Arg	Asn	Leu	Pro	Ile	Leu	Ala	Thr	Lys	Val
1550						1555					1560			
Lys	Leu	Leu	Leu	Val	Gly	Asn	Leu	Gly	Ser	Glu	Val	Gly	Asp	Leu
1565						1570					1575			
Glu	His	Leu	Gly	Trp	Ile	Leu	Arg	Gly	Pro	Ala	Val	Cys	Lys	Lys
1580						1585					1590			
Ile	Thr	Asp	His	Glu	Lys	Cys	His	Val	Ser	Ile	Val	Asp	Lys	Leu
1595						1600					1605			
Thr	Ala	Phe	Phe	Gly	Ile	Met	Pro	Arg	Gly	Thr	Thr	Pro	Arg	Ala
1610						1615					1620			
Pro	Ile	Arg	Phe	Pro	Thr	Ser	Leu	Leu	Arg	Ile	Arg	Arg	Gly	Leu
1625						1630					1635			
Glu	Thr	Gly	Trp	Ala	Tyr	Thr	His	Gln	Gly	Gly	Ile	Ser	Ser	Val
1640						1645					1650			

Asp	His	Val	Thr	Ala	Gly	Lys	Asp	Leu	Leu	Val	Cys	Asp	Ser	Met
1655						1660					1665			
Gly	Arg	Thr	Arg	Val	Val	Cys	Gln	Ser	Asn	Asn	Lys	Met	Thr	Asp
1670						1675					1680			
Glu	Thr	Glu	Tyr	Gly	Val	Lys	Thr	Asp	Ser	Gly	Cys	Pro	Glu	Glu
1685						1690					1695			
Gln	Arg	Cys	Tyr	Val	Phe	Asn	Pro	Glu	Ala	Val	Asn	Ile	Ser	Gly
1700						1705					1710			
Thr	Lys	Gly	Ala	Met	Val	His	Leu	Gln	Lys	Thr	Gly	Gly	Glu	Phe
1715						1720					1725			
Thr	Cys	Val	Thr	Ala	Ser	Gly	Thr	Pro	Ala	Phe	Phe	Asp	Leu	Lys
1730						1735					1740			
Asn	Leu	Lys	Gly	Trp	Ser	Gly	Leu	Pro	Ile	Phe	Glu	Ala	Ser	Ser
1745						1750					1755			
Gly	Arg	Val	Val	Gly	Arg	Val	Lys	Val	Gly	Lys	Asn	Glu	Glu	Ser
1760						1765					1770			
Lys	Pro	Thr	Lys	Leu	Met	Ser	Gly	Ile	Gln	Thr	Val	Ser	Lys	Ser
1775						1780					1785			
Thr	Thr	Asp	Leu	Thr	Glu	Met	Val	Lys	Lys	Ile	Thr	Ser	Met	Asn
1790						1795					1800			
Arg	Gly	Glu	Phe	Lys	Gln	Ile	Thr	Leu	Ala	Thr	Gly	Ala	Gly	Lys
1805						1810					1815			
Thr	Thr	Glu	Leu	Pro	Arg	Ala	Val	Ile	Glu	Glu	Ile	Gly	Arg	His
1820						1825					1830			
Lys	Arg	Val	Leu	Val	Leu	Ile	Pro	Leu	Arg	Ala	Ala	Ala	Glu	Ser
1835						1840					1845			
Val	Tyr	Gln	Tyr	Met	Arg	Gln	Lys	His	Pro	Ser	Ile	Ala	Phe	Asn
1850						1855					1860			
Leu	Arg	Ile	Gly	Glu	Met	Lys	Gln	Gly	Asp	Met	Ala	Thr	Gly	Ile
1865						1870					1875			
Thr	Tyr	Ala	Ser	Tyr	Gly	Tyr	Phe	Cys	Gln	Met	Pro	Gln	Pro	Lys
1880						1885					1890			

Leu Arg	Ala Ala Met Val Glu	Tyr Ser Tyr Ile Phe	Leu Asp Glu
1895	1900	1905	
Tyr His	Cys Ala Thr Pro Glu	Gln Leu Ala Ile Ile	Gly Lys Ile
1910	1915	1920	
His Arg	Phe Ser Glu Gln Leu	Arg Val Val Ala Met	Thr Ala Thr
1925	1930	1935	
Pro Ala	Gly Thr Val Thr Thr	Thr Gly Gln Lys His	Pro Ile Glu
1940	1945	1950	
Glu Phe	Ile Ala Pro Glu Val	Met Lys Gly Glu Asp	Leu Gly Ser
1955	1960	1965	
Glu Phe	Leu Glu Ile Ala Gly	Leu Lys Ile Pro Thr	Glu Glu Met
1970	1975	1980	
Lys Gly	Asn Met Leu Val Phe	Val Pro Thr Arg Asn	Met Ala Val
1985	1990	1995	
Glu Thr	Ala Lys Lys Leu Lys	Ala Lys Gly Tyr Asn	Ser Gly Tyr
2000	2005	2010	
Tyr Tyr	Ser Gly Glu Asp Pro	Ala Asn Leu Arg Val	Val Thr Ser
2015	2020	2025	
Gln Ser	Pro Tyr Val Val Val	Ala Thr Asn Ala Ile	Glu Ser Gly
2030	2035	2040	
Val Thr	Leu Pro Asp Leu Asp	Val Val Val Asp Thr	Gly Leu Lys
2045	2050	2055	
Cys Glu	Lys Arg Ile Arg Leu	Ser Ser Lys Met Pro	Phe Ile Val
2060	2065	2070	
Thr Gly	Leu Lys Arg Met Ala	Val Thr Ile Gly Glu	Gln Ala Gln
2075	2080	2085	
Arg Arg	Gly Arg Val Gly Arg	Val Lys Pro Gly Arg	Tyr Tyr Arg
2090	2095	2100	
Ser Gln	Glu Thr Ala Val Gly	Ser Lys Asp Tyr His	Tyr Asp Leu
2105	2110	2115	

Leu Gln	Ala Gln Arg Tyr Gly	Ile Glu Asp Gly	Ile Asn Ile Thr
2120	2125		2130
Lys Ser	Phe Arg Glu Met Asn	Tyr Asp Trp Ser	Leu Tyr Glu Glu
2135	2140		2145
Asp Ser	Leu Met Ile Thr Gln	Leu Glu Ile Leu	Asn Asn Leu Leu
2150	2155		2160
Ile Ser	Glu Glu Leu Pro Ile	Ala Val Lys Asn	Ile Met Ala Arg
2165	2170		2175
Thr Asp	His Pro Glu Pro Ile	Gln Leu Ala Tyr	Asn Ser Tyr Glu
2180	2185		2190
Val Gln	Val Pro Val Leu Phe	Pro Lys Ile Arg	Asn Gly Glu Val
2195	2200		2205
Thr Asp	Thr Tyr Asp Thr Tyr	Thr Phe Leu Asn	Ala Arg Lys Leu
2210	2215		2220
Gly Asp	Asp Val Pro Ala Tyr	Val Tyr Ser Thr	Glu Asp Glu Asp
2225	2230		2235
Leu Ala	Val Glu Leu Leu Gly	Leu Asp Trp Pro	Asp Pro Gly Asn
2240	2245		2250
Gln Thr	Thr Ala Glu Thr Gly	Arg Ala Leu Lys	Gln Val Thr Gly
2255	2260		2265
Leu Ser	Ala Ala Glu Asn Ala	Leu Leu Val Ala	Leu Phe Gly Tyr
2270	2275		2280
Val Gly	Tyr Gln Ala Leu Ser	Lys Arg His Ile	Pro Met Val Thr
2285	2290		2295
Asp Ile	Tyr Ser Ile Glu Asp	His Arg Leu Glu	Asp Thr Thr His
2300	2305		2310
Leu Gln	Phe Ala Pro Asn Ala	Ile Arg Thr Asp	Gly Lys Glu Thr
2315	2320		2325
Glu Leu	Lys Glu Leu Ala Gln	Gly Asp Ile Gln	Arg Cys Thr Glu
2330	2335		2340
Ala Ile	Val Glu Tyr Ala Gln	Gln Gly Val Gln	Phe Ile Lys Ser
2345	2350		2355

Gln Ala	Leu Lys Ile Gln Gly	Glu Pro Ala Val Lys	Ser Ser Met
2360	2365	2370	
Asp Ala	Ile Met Asp Tyr Val	Asp Lys Phe Leu Lys	Ala Ile Ala
2375	2380	2385	
Glu Ser	Lys Asp Glu Ile Leu	Arg Tyr Gly Leu Trp	Gly Ala His
2390	2395	2400	
Thr Ala	Leu Tyr Lys Ser Ile	Gly Ala Arg Leu Gly	Tyr Glu Thr
2405	2410	2415	
Ala Phe	Ala Thr Leu Val Val	Lys Trp Leu Ala Phe	Gly Gly Glu
2420	2425	2430	
Thr Ile	Asn Asp His Ile Lys	Gln Ala Ala Thr Asp	Leu Val Val
2435	2440	2445	
Tyr Tyr	Ile Ile Asn Arg Pro	Gln Phe Pro Gly Asp	Ser Glu Thr
2450	2455	2460	
Gln Gln	Glu Gly Arg Lys Phe	Val Ala Ser Leu Leu	Val Ser Ala
2465	2470	2475	
Leu Ala	Thr Tyr Thr Tyr Lys	Ser Trp Asn Tyr Asn	Asn Leu Ser
2480	2485	2490	
Lys Ile	Val Glu Pro Ala Leu	Ala Cys Leu Pro Tyr	Ala Ser Gln
2495	2500	2505	
Ala Leu	Lys Leu Phe Ser Pro	Thr Arg Leu Glu Ser	Val Val Ile
2510	2515	2520	
Leu Ser	Thr Ala Ile Tyr Lys	Thr Tyr Leu Ala Ile	Arg Arg Gly
2525	2530	2535	

Gln Ala	Leu Lys Ile Gln Gly	Glu Pro Ala Val Lys	Ser Ser Met
2360	2365	2370	
Asp Ala	Ile Met Asp Tyr Val	Asp Lys Phe Leu Lys	Ala Ile Ala
2375	2380	2385	
Gln Ser	Lys Asp Glu Ile Leu	Arg Tyr Gly Leu Trp	Gly Ala His
2390	2395	2400	
Thr Ala	Leu Tyr Lys Ser Ile	Gly Ala Arg Leu Gly	Tyr Glu Thr
2405	2410	2415	
Ala Phe	Ala Thr Leu Val Val	Lys Trp Leu Ala Phe	Gly Gly Glu
2420	2425	2430	
Thr Ile	Asn Asp His Ile Lys	Gln Ala Ala Thr Asp	Leu Val Val
2435	2440	2445	
Tyr Tyr	Ile Ile Asn Arg Pro	Gln Phe Pro Gly Asp	Ser Glu Thr
2450	2455	2460	
Gln Gln	Glu Gly Arg Lys Phe	Val Ala Ser Leu Leu	Val Ser Ala
2465	2470	2475	
Leu Ala	Thr Tyr Thr Tyr Lys	Ser Trp Asn Tyr Asn	Asn Leu Ser
2480	2485	2490	
Lys Ile	Val Glu Pro Ala Leu	Ala Cys Leu Pro Tyr	Ala Ser Gln
2495	2500	2505	
Ala Leu	Lys Leu Phe Ser Pro	Thr Arg Leu Glu Ser	Val Val Ile
2510	2515	2520	
Leu Ser	Thr Ala Ile Tyr Lys	Thr Tyr Leu Ala Ile	Arg Arg Gly
2525	2530	2535	
Lys Ser	Asp Gly Leu Leu Gly	Thr Gly Val Ser Ala	Ala Met Glu
2540	2545	2550	
Ile Met	Ser Gln Asn Pro Val	Ser Val Gly Ile Ala	Val Met Leu
2555	2560	2565	
Gly Val	Gly Ala Val Ala Ala	His Asn Ala Ile Glu	Ser Ser Glu
2570	2575	2580	

Gln Lys	Arg Thr	Leu Leu	Met	Lys Val	Phe Val	Lys	Asn Phe	Leu
2585			2590			2595		
Asp Gln	Ala Ala	Thr Asp	Glu	Leu Val	Lys Glu	Ser	Pro Glu	Lys
2600			2605			2610		
Ile Ile	Met Ala	Leu Phe	Glu	Ala Val	Gln Thr	Val	Gly Asn	Pro
2615			2620			2625		
Leu Arg	Leu Ile	Tyr His	Leu	Tyr Gly	Val Phe	Tyr	Lys Gly	Trp
2630			2635			2640		
Glu Ala	Lys Glu	Val Ala	Glu	Arg Thr	Ala Gly	Arg	Asn Leu	Phe
2645			2650			2655		
Thr Leu	Ile Met	Phe Glu	Ala	Val Glu	Leu Leu	Gly	Val Asp	Ser
2660			2665			2670		
Glu Gly	Lys Ile	Arg Asn	Leu	Ser Gly	Asn Tyr	Leu	Ile Asp	Leu
2675			2680			2685		
Ile Gln	Lys Leu	His Asp	Gly	Phe Lys	Val Ser	Ile	Lys Arg	Leu
2690			2695			2700		
Ala Leu	Ala Trp	Ala Pro	Ala	Pro Ile	Ser Cys	Asp	Trp Thr	Pro
2705			2710			2715		
Ala Asp	Glu Arg	Ile Lys	Leu	Pro His	Glu Asn	Tyr	Leu Arg	Ala
2720			2725			2730		
Val Thr	Arg Cys	Pro Cys	Gly	Tyr Arg	Met Lys	Ala	Val Lys	Asn
2735			2740			2745		
Cys Ala	Gly Glu	Leu Val	Leu	Glu Glu	Glu Glu	Gly	Pro Tyr	Leu
2750			2755			2760		
Cys Arg	Asn Lys	Phe Lys	Arg	Ser Ala	Ile Asn	Tyr	Lys Val	Thr
2765			2770			2775		
Lys Phe	Tyr Asp	Asp Asp	Leu	Glu Glu	Ile Lys	Pro	Val Leu	Thr
2780			2785			2790		
Leu Glu	Gly Gln	Val Asp	Met	Tyr Tyr	Lys Gly	Val	Thr Met	Lys
2795			2800			2805		
Ile Asp	Tyr Asp	Asn Ser	Lys	Leu Ile	Leu Ala	Thr	Asp Lys	Trp
2810			2815			2820		

Glu	Ile	Glu	His	Ser	Thr	Leu	Thr	Arg	Phe	Thr	Lys	Lys	Tyr	Thr
2825						2830					2835			
Gly	Ala	Gly	Tyr	Asn	Gly	Ala	Tyr	Leu	Gly	Glu	Lys	Pro	Asn	His
2840						2845					2850			
Lys	Asn	Leu	Ile	Glu	Arg	Ser	Cys	Ala	Thr	Val	Cys	Arg	Asp	Lys
2855						2860					2865			
Ile	Tyr	Phe	Ser	Lys	Met	Lys	Lys	Gly	Cys	Ala	Phe	Thr	Tyr	Asp
2870						2875					2880			
Leu	Thr	Leu	Ser	Asn	Leu	Thr	Arg	Leu	Val	Glu	Leu	Val	His	Arg
2885						2890					2895			
Asn	Lys	Leu	Glu	Glu	Lys	Asp	Ile	Pro	Ala	Ala	Thr	Val	Thr	Thr
2900						2905					2910			
Trp	Leu	Ala	Tyr	Thr	Phe	Val	Asn	Glu	Asp	Ile	Gly	Thr	Ile	Lys
2915						2920					2925			
Pro	Val	Leu	Gly	Glu	Lys	Val	Ile	Pro	Glu	Glu	Gly	Glu	Glu	Val
2930						2935					2940			
Asn	Leu	Gln	Pro	Thr	Val	Ala	Leu	Asp	Met	Ser	Gln	Cys	Gln	Ile
2945						2950					2955			
Thr	Val	Val	Gly	Glu	Ala	Ala	Thr	Met	Thr	Thr	Gly	Leu	Thr	Pro
2960						2965					2970			
Val	Thr	Thr	Ser	Gly	Gly	Val	His	Gly	Lys	Gln	Gly	Gln	Pro	Val
2975						2980					2985			
Leu	Lys	Ile	Gly	Met	Gly	Glu	Gly	Glu	Phe	Pro	Gly	Pro	Gly	Gln
2990						2995					3000			
Gln	Glu	Val	Thr	Val	Gly	Val	Ala	Ile	Leu	Ala	Val	Asp	Ala	Arg
3005						3010					3015			
Pro	Thr	Leu	Leu	Val	Ile	Gly	Ser	Gly	Arg	Ala	Ile	Ser	Asn	Arg
3020						3025					3030			
Ala	Lys	Thr	Ala	Lys	Asn	Ile	Lys	Leu	Tyr	Arg	Gly	Ser	Asp	Pro
3035						3040					3045			

Ile	Ala	Val	Arg	Asp	Lys	Ile	Arg	Asn	Gly	Glu	Met	Leu	Val	Val
3050						3055					3060			
Ala	Leu	Thr	Asp	Ile	Glu	Arg	Asp	Leu	Leu	Lys	Tyr	Val	Asp	Tyr
3065						3070					3075			
Lys	Gly	Thr	Phe	Leu	Ser	Arg	Glu	Thr	Leu	Glu	Ala	Leu	Ser	Leu
3080						3085					3090			
Gly	Lys	Pro	Arg	Ala	Lys	Glu	Ile	Thr	Lys	Ala	Asp	Ala	Arg	Arg
3095						2100					3105			
Leu	Leu	Asn	Leu	Glu	Thr	Glu	Glu	Val	Ala	Leu	Pro	Asp	Trp	Phe
3110						3115					3120			
Glu	Ala	Thr	Glu	Pro	Ile	Phe	Leu	Glu	Ala	Val	Ile	Lys	Gln	Asp
3125						3130					3135			
Lys	Tyr	His	Leu	Thr	Gly	Asp	Val	Ala	Thr	Val	Lys	Asp	Lys	Ala
3140						3145					3150			
Lys	Gln	Leu	Gly	Ala	Thr	Asp	Ser	Thr	Arg	Ile	Val	Lys	Glu	Ala
3155						3160					3165			
Gly	Ala	Arg	Val	Tyr	Thr	Met	Lys	Leu	Ser	Ser	Trp	Ala	Ser	Leu
3170						3175					3180			
Val	Asp	Ser	Gly	Tyr	Gly	Asp	Leu	Arg	Pro	Leu	Phe	Glu	Glu	Leu
3185						3190					3195			
Phe	Leu	Met	Cys	Pro	Pro	Gly	Lys	Leu	Ser	Arg	Thr	Glu	His	Met
3200						3205					3210			
Val	Ser	Ala	Tyr	Gln	Leu	Ala	Gln	Gly	Asn	Trp	Val	Gln	Pro	Ser
3215						3220					3225			
Cys	Cys	Val	Tyr	Leu	Gly	Thr	Val	Pro	Ala	Lys	Arg	Val	Lys	Thr
3230						3235					3240			
His	Pro	Tyr	Glu	Ala	Tyr	Val	Glu	Leu	Lys	Glu	Leu	Ile	Glu	Glu
3245						3250					3255			
Tyr	Asn	Met	Lys	Lys	Val	Thr	Gly	Asp	Pro	Gly	Leu	Arg	Lys	His
3260						3265					3270			
Asn	Glu	Trp	Ile	Leu	Lys	Lys	Ile	Arg	His	Gln	Gly	Asn	Leu	Arg
3275						3280					3285			

Thr Arg	Asn Ile	Leu Asn	Pro Gly	Lys Val	Ala Glu	Gln Leu	Ser
3290			3295		3300		
Arg Glu	Gly His	Lys His	Asn Val	Tyr Asn	Lys Ile	Ile Gly	Ser
3305			3310		3315		
Thr Met	Val Ser	Val Gly	Ile Lys	Leu Glu	Lys Leu	Pro Val	Val
3320			3325		3330		
Arg Ala	Gln Thr	Asp Thr	Val Ser	Phe His	Gln Ala	Ile Arg	Asp
3335			3340		3345		
Lys Ile	Asp Lys	Lys Glu	Asn Leu	Gln Thr	Pro Asp	Leu His	Thr
3350			3355		3360		
Gln Leu	Arg Glu	Val Phe	Asn Ala	Leu Lys	Ile Pro	Asp Leu	Ala
3365			3370		3375		
Ser Thr	Tyr Asp	Glu Val	Thr Trp	Glu Glu	Leu Glu	Val Gly	Ile
3380			3385		3390		
Asn Arg	Lys Gly	Ala Ala	Gly Phe	Phe Glu	Lys Lys	Asn Ile	Gly
3395			3400		3405		
Glu Ile	Leu Gly	Thr Glu	Lys His	Gln Val	Glu Ser	Ile Ile	Arg
3410			3415		3420		
Asp Leu	Lys Asn	Gly Lys	Pro Ile	Arg Tyr	Tyr Glu	Thr Ala	Ile
3425			3430		3435		
Pro Lys	Asn Glu	Lys Arg	Asp Val	Asn Asp	Asp Trp	Glu Ser	Gly
3440			3445		3450		
Asp Leu	Val Asp	Glu Lys	Lys Pro	Arg Val	Ile Gln	Tyr Pro	Glu
3455			3460		3465		
Ala Lys	Val Arg	Leu Ala	Ile Thr	Lys Val	Met Tyr	Lys Trp	Val
3470			3475		3480		
Lys Gln	Lys Pro	Val Val	Ile Pro	Gly Tyr	Glu Gly	Lys Thr	Pro
3485			3490		3495		
Leu Phe	Glu Ile	Phe Asn	Lys Val	Arg Lys	Glu Trp	Gly His	Phe
3500			3505		3510		

Gln	Asp	Pro	Val	Ala	Val	Ser	Phe	Asp	Thr	Lys	Ala	Trp	Asp	Thr
3515						3520					3525			
Gln	Val	Thr	Ser	Arg	Asp	Leu	Glu	Leu	Ile	Arg	Asp	Ile	Gln	Lys
3530						3535					3540			
Tyr	Tyr	Phe	Lys	Lys	Glu	Trp	His	Lys	Phe	Ile	Asp	Thr	Leu	Thr
3545						3550					3555			
Glu	His	Met	Val	Glu	Val	Pro	Val	Ile	Thr	Ala	Asp	Gly	Glu	Val
3560						3565					3570			
Tyr	Ile	Arg	Arg	Gly	Gln	Arg	Gly	Ser	Gly	Gln	Pro	Asp	Thr	Ser
3575						3580					3585			
Ala	Gly	Asn	Ser	Met	Leu	Asn	Val	Leu	Thr	Met	Ile	Tyr	Ala	Phe
3590						3595					3600			
Cys	Lys	Ala	Thr	Gly	Val	Pro	Tyr	Lys	Ser	Phe	Gly	Arg	Val	Ala
3605						3610					3615			
Lys	Ile	His	Val	Cys	Gly	Asp	Asp	Gly	Phe	Leu	Ile	Thr	Glu	Lys
3620						3625					3630			
Ser	Leu	Gly	Glu	Lys	Phe	Ala	Ser	Lys	Gly	Met	Gln	Ile	Leu	His
3635						3640					3645			
Glu	Ala	Gly	Lys	Pro	Gln	Lys	Ile	Thr	Glu	Gly	Glu	Arg	Met	Lys
3650						3655					3660			
Val	Ala	Tyr	Arg	Phe	Glu	Asp	Ile	Glu	Phe	Cys	Ser	His	Thr	Pro
3665						3670					3675			
Val	Pro	Val	Arg	Trp	Ser	Asp	Asn	Thr	Thr	Ser	Tyr	Met	Pro	Gly
3680						3685					3690			
Arg	Asn	Thr	Ala	Thr	Val	Leu	Ala	Lys	Met	Ala	Ala	Arg	Leu	Asp
3695						3700					3705			
Ser	Ser	Gly	Glu	Arg	Gly	Thr	Thr	Ala	Tyr	Glu	Lys	Ala	Val	Ala
3710						3715					3720			
Phe	Ser	Phe	Leu	Leu	Met	Tyr	Ser	Trp	Asn	Pro	Leu	Val	Arg	Arg
3725						3730					3735			
Ile	Cys	Leu	Leu	Thr	Leu	Ser	Ser	Glu	Pro	Ser	Ala	Asn	Pro	Ser
3740						3745					3750			

Lys Leu Gly Thr Phe Tyr Tyr Gln Gly Asp Pro Ile Ser Ala Tyr
3755 3760 3765

Arg Glu Val Ile Gly His Asn Leu Gln Asp Leu Lys Arg Thr Gly
3770 3775 3780

Phe Glu Lys Leu Ala Gln Leu Asn Leu Ser Met Ser Thr Leu Gly
3785 3790 3795

Ile Trp Thr Arg His Thr Ser Lys Arg Leu Leu Gln Asp Cys Val
3800 3805 3810

Val Met Gly Ser Arg Glu Gly Asn Trp Leu Val Asn Ala Asp Arg
3815 3820 3825

Leu Val Ser Ser Lys Thr Gly Arg Val Tyr Leu Pro Ser Glu Gly
3830 3835 3840

His Thr Met Gln Gly Lys His Tyr Glu Glu Leu Lys Leu Pro Arg
3845 3850 3855

Thr Ser Arg Ser Leu Thr Gln Gly Val Glu Arg Tyr Asn Leu Gly
3860 3865 3870

Pro Ile Val Asn Val Ile Leu Arg Arg Leu Lys Val Leu Met Met
3875 3880 3885

Thr Phe Thr Gly Lys Gly Met
3890 3895

<210> 53
<211> 3895
<212> B1AOK
<213> Белково́е вещество́

Met Glu Leu Asn Asn Phe Tyr Phe Leu Tyr Lys Thr Ser Lys Gln Lys
1 5 10 15

Pro Ala Gly Val Glu Glu Pro Val Tyr Asn Ala Ala Gly Val Pro Leu
20 25 30

Phe Gly Glu Thr Ser Glu Ile His Pro Gln Ser Thr Leu Lys Leu Pro
35 40 45

His Asp Arg Gly Arg Gly Glu Val Arg Thr Thr Leu Glu Lys Leu Pro

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

Ile Cys Ala Gly Val Pro Thr His Leu Ala Thr Asp Val Glu Leu Lys
305 310 315 320

Gly Ile Gln Gly Met Met Asp Ala Ser Glu Arg Thr Asn Tyr Thr Cys
325 330 335

Cys Arg Leu Gln Arg His Glu Trp Asn Lys His Gly Trp Cys Asn Trp
340 345 350

Tyr Asn Ile Glu Pro Trp Ile Trp Leu Met Asn Lys Thr Gln Ala Asn
355 360 365

Leu Thr Glu Gly Gln Pro Asp Lys Glu Cys Ala Val Thr Cys Arg Tyr
370 375 380

Asp Lys Glu Ser Asp Leu Asn Val Val Thr Gln Ala Arg Asp Arg Pro
385 390 395 400

Thr Thr Leu Thr Gly Cys Lys Lys Gly Lys Lys Phe Ser Phe Ala Gly
405 410 415

Ile Ile Met Glu Ser Pro Cys Asn Phe Asn Val Ser Ala Glu Asp Ile
420 425 430

Leu Tyr Gly Asp Asn Gly Cys Gly Asn Leu Phe Gln Asp Thr Ala Leu
435 440 445

Tyr Val Val Asp Gly Val Thr Asn Thr Val Glu Asn Ala Arg Gln Gly
450 455 460

Ala Ala Lys Leu Thr Ser Trp Leu Gly Lys Gln Leu Gly Ile Met Gly
465 470 475 480

Lys Lys Leu Glu His Lys Ser Lys Thr Trp Phe Gly Ala His Ala Gln
485 490 495

Ser Pro Tyr Cys Asn Val Thr Arg Arg Ile Gly Tyr Ile Trp Tyr Thr
500 505 510

Asn Asn Cys Thr Pro Ala Cys Leu Pro Arg Asn Thr Lys Ile Ile Gly
515 520 525

Pro Gly Lys Phe Asp Thr Asn Ala Glu Asp Gly Lys Ile Leu His Glu
530 535 540

Met Gly Gly His Ile Ser Glu Phe Leu Leu Leu Ser Leu Val Val Leu

545		550		555		560
Ser Asp Phe Ala Pro Glu Thr Ala Ser Ala Ile Tyr Leu Val Leu His						
	565			570		575
Phe Thr Ile Pro Gln Ser Tyr Glu Asn Pro Lys Asp Cys Asp Lys Asn						
	580			585		590
Gln Leu Asn Leu Thr Ile Gly Leu Arg Thr Glu Asp Val Val Pro Ser						
	595			600		605
Ser Val Trp Asn Ile Gly Lys Tyr Val Cys Ile Arg Pro Asp Trp Trp						
	610			615		620
Pro Tyr Glu Thr Thr Val Val Leu Leu Phe Glu Glu Val Gly Gln Val						
	625			630		635
Ile Lys Leu Ala Leu Arg Ala Leu Arg Asp Leu Thr Arg Val Trp Asn						
	645			650		655
Ser Ala Ser Thr Thr Ala Phe Leu Ile Cys Leu Ile Lys Val Leu Arg						
	660			665		670
Gly Gln Val Ile Gln Gly Ile Ile Trp Leu Leu Leu Val Thr Gly Ala						
	675			680		685
Gln Gly Gln Phe Thr Cys Glu Lys Asn Tyr Arg Tyr Ala Ile Ala Lys						
	690			695		700
Thr Thr Asp Val Gly Leu Leu Gly Ala Glu Gly Leu Thr Thr Thr Trp						
	705			710		715
Arg Glu Tyr Lys Asn Asn Phe Glu Leu Asp Asp Gly Leu Leu Arg Ala						
	725			730		735
Val Cys Lys Ser Gly Phe Phe Thr Phe Arg Phe His Cys Asp Met Gly						
	740			745		750
Thr Arg Tyr Leu Ala Lys Leu His Ala Gln Ala Leu Pro Thr Ser Val						
	755			760		765
Val Phe Glu Lys Val Gly Gln Gln Pro Gly Ala Arg Glu Ile Thr Met						
	770			775		780
Glu Asp Asn Phe Glu Phe Gly Leu Cys Pro Cys Asp Ser Lys Pro Val						
	785			790		795
						800

Val Lys Gly Lys Tyr Asn Ala Thr Leu Leu Asn Gly Ser Ala Phe Asn
805 810 815

Leu Val Cys Pro Ile Gly Trp Thr Gly Val Val Glu Cys Thr Val Ile
820 825 830

Ser Glu Ser Thr Leu His Thr Glu Val Val Lys Val Phe Arg Arg Asp
835 840 845

Lys Pro Phe Pro Ser Arg Lys Tyr Cys Val Asp Thr Lys Val Ile Gly
850 855 860

Glu Asp Leu Phe His Cys Lys Leu Gly Gly Asn Trp Thr Cys Ile Pro
865 870 875 880

Gly Glu Gln Val Ala Tyr Arg Gly Gly Gln Val Lys Asn Cys Lys Trp
885 890 895

Cys Gly Phe Thr Phe Glu Thr Pro Glu Asp Leu Pro His Tyr Pro Ile
900 905 910

Gly Lys Cys Val Leu Ser Asn Glu Thr Gly Tyr Arg Leu Val Asp Gly
915 920 925

Thr Thr Cys Asn Arg His Gly Val Ile Ile Asp Gln Thr Gly Ser His
930 935 940

Glu Cys Leu Ile Gly Lys Thr Lys Ile Lys Val Tyr Pro Val Asp Asp
945 950 955 960

Lys Leu Gly Pro Met Pro Cys Arg Pro Lys Glu Ile Ile Ser Ser Glu
965 970 975

Gly Pro Ile Ser Lys Thr Ala Cys Thr Phe Asn Tyr Thr Lys Thr Leu
980 985 990

Lys Asn Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg Asp Ser Tyr Phe Gln Gln Tyr Me
995 1000 1005

Leu Lys Gly Glu Tyr Gln Tyr Trp Phe Asp Leu Asp Val Thr Asp
1010 1015 1020

His His Thr Asp Tyr Phe Ala Glu Phe Ile Val Val Val Val Val
1025 1030 1035

Ala Leu Leu Gly Gly Arg Tyr Val Leu Trp Leu Met Val Val Tyr

1040		1045		1050
Ile Val Leu Thr Asp Gln Met	Ala Ser Gly Leu Gln	Leu Gly Gln		
1065		1060		1065
Gly Glu Val Val Leu Ile Gly	Asn Leu Ile Thr His	Glu Asp Leu		
1070		1075		1080
Glu Val Val Val Tyr Phe Leu	Leu Leu Tyr Leu Val	Ile Arg Asp		
1085		1090		1095
Gln Pro Ile Lys Lys Trp Ile	Leu Leu Leu Tyr His	Ala Leu Thr		
1100		1105		1110
Asn Asn Pro Met Lys Thr Ala	Thr Val Gly Val Leu	Met Leu Ser		
1115		1120		1125
Gly Ala Val Asn Gly Ala Glu	Ser Gly Glu Gly Gly	Gln Ala Gly		
1130		1135		1140
Leu Asp Leu Gln Phe Leu Val	Thr Val Gly Ile Val	Val Ser Met		
1145		1150		1155
Leu Ile Ala Arg Arg Asp Pro	Thr Thr Ile Pro Leu	Ile Ile Thr		
1160		1165		1170
Val Val Thr Leu Arg Thr Thr	Gly Leu Ala Gly Gly	Leu Ala Thr		
1175		1180		1185
Asp Leu Ala Ile Ala Thr Val	Thr Thr Val Leu Leu	Met Trp Thr		
1190		1195		1200
Phe Ile Ser Asp Tyr Tyr Arg	His Lys Val Trp Leu	Gln Phe Leu		
1205		1210		1215
Ile Ser Thr Val Ser Gly Ile	Phe Leu Ile Arg Ala	Leu Lys Gly		
1220		1225		1230
Leu Gly Glu Ile Glu Ile His	Ala Pro Glu Ile Pro	Ser Ser Arg		
1235		1240		1245
Pro Leu Phe Phe Val Leu Thr	Tyr Leu Ile Ser Ala	Ala Ile Val		
1250		1255		1260
Thr Arg Trp Asn Leu Asp Ile	Ala Gly Ala Leu Leu	Gln Gly Ile		
1265		1270		1275

Pro	Ile	Leu	Met	Met	Ala	Met	Thr	Met	Tyr	Ala	Arg	Leu	Ile	Thr
1280						1285					1290			
Leu	Ile	Leu	Val	Leu	Pro	Thr	Tyr	Glu	Leu	Thr	Lys	Leu	Tyr	Tyr
1295						1300					1305			
Leu	Arg	Glu	Val	Lys	Thr	Ile	Thr	Glu	Arg	Asn	Tyr	Leu	Gly	Gly
1310						1315					1320			
Ile	Lys	Tyr	Lys	Arg	Val	Ser	Arg	Val	Tyr	Glu	Val	Arg	Gln	Ser
1325						1330					1335			
Cys	Glu	Gly	Val	Tyr	Leu	Phe	Pro	Ser	Arg	Glu	Arg	Thr	Arg	Asn
1340						1345					1350			
Thr	Thr	Glu	Gly	Met	Leu	Pro	Leu	Ile	Lys	Ala	Ile	Leu	Ile	Ser
1355						1360					1365			
Cys	Val	Ser	Ser	Arg	Tyr	Glu	Leu	Ile	Tyr	Leu	Leu	Tyr	Leu	Val
1370						1375					1380			
Leu	Glu	Ile	Ser	Tyr	Tyr	Leu	His	Arg	Lys	Ile	Ile	Glu	Glu	Val
1385						1390					1395			
Ala	Gly	Gly	Thr	Asn	Leu	Leu	Ser	Arg	Phe	Met	Ala	Ala	Leu	Ile
1400						1405					1410			
Glu	Thr	Asn	Tyr	Thr	Leu	Arg	Asn	Asn	Glu	Val	Arg	Gly	Leu	Lys
1415						1420					1425			
Lys	Phe	Tyr	Leu	Leu	Ser	Ser	Arg	Val	Arg	Ser	Leu	Ile	Val	Lys
1430						1435					1440			
His	Lys	Val	Arg	Asn	Glu	Val	Val	Ala	Ser	Tyr	Tyr	Gly	Glu	Glu
1445						1450					1455			
Glu	Ile	Phe	Gly	Met	Pro	Lys	Leu	Val	Asn	Leu	Val	Arg	Ile	Ala
1460						1465					1470			
Thr	Leu	Ser	Arg	Ser	Lys	His	Cys	Ile	Leu	Cys	Thr	Val	Cys	Glu
1475						1480					1485			
Asp	Lys	Thr	Tyr	Lys	Gly	Glu	Thr	Cys	Pro	Lys	Cys	Gly	Arg	Phe
1490						1495					1500			
Gly	Pro	Pro	Ile	Ser	Cys	Gly	Met	Thr	Leu	Ala	Arg	Phe	Glu	Glu

1808	1810	1818
Lys His Tyr Lys Lys Ile Phe Phe Arg Glu Asp Glu Glu Arg Gly 1820 1828 1830		
Leu Phe Arg Glu Glu His Lys Gly Tyr Val Glu Tyr Arg Ala Arg 1838 1840 1848		
Gly Glu Leu Phe Leu Arg Asn Leu Pro Ile Leu Ala Thr Lys Val 1850 1858 1860		
Lys Leu Leu Leu Val Gly Asn Leu Gly Ala Glu Val Gly Arg Leu 1868 1870 1878		
Glu His Leu Gly Tyr Val Leu Arg Gly Pro Ala Val Cys Lys Lys 1880 1888 1890		
Val Thr Asn His Glu Lys Cys His Thr Thr Ile Ala Asp Lys Leu 1898 1900 1908		
Thr Ala Phe Phe Gly Ile Met Pro Arg Gly Thr Thr Pro Arg Ala 1910 1918 1920		
Pro Val Arg Phe Pro Thr Ser Leu Leu Lys Ile Arg Arg Gly Leu 1928 1930 1938		
Glu Thr Gly Tyr Ala Tyr Thr His Glu Gly Gly Ile Ser Ser Val 1940 1948 1950		
Asp His Val Thr Phe Gly Lys Asp Leu Leu Val Cys Asp Ser Met 1958 1960 1968		
Gly Arg Thr Arg Val Val Cys Glu Asn Asn Asn Lys Met Thr Asp 1970 1978 1980		
Glu Thr Glu Tyr Gly Val Lys Thr Arg Ser Gly Cys Pro Glu Gly 1988 1990 1998		
Ala Arg Cys Tyr Val Phe Asn Pro Glu Ala Val Asn Ile Ala Gly 1700 1708 1710		
Thr Lys Gly Ala Met Val His Leu Glu Lys Thr Gly Gly Glu Phe 1718 1720 1728		
Ser Cys Val Thr Ala Ser Gly Thr Pro Ala Phe Phe Asp Leu Lys 1730 1738 1740		

Asn Leu Arg Gly Trp Ser Gly Leu Pro Ile Phe Glu Ala Ser Ser
 1745 1750 1755
 Gly Arg Val Val Gly Arg Val Lys Val Gly Lys Asn Glu Glu Ser
 1760 1765 1770
 Lys Pro Thr Lys Leu Met Ser Gly Ile Glu Thr Val Ser Lys Asn
 1775 1780 1785
 Thr Thr Asp Leu Thr Asp Leu Val Arg Lys Ile Thr Ala Met Asn
 1790 1795 1800
 Arg Gly Glu Phe Lys Glu Ile Thr Leu Ala Thr Gly Ala Gly Lys
 1805 1810 1815
 Thr Thr Glu Leu Pro Arg Ser Val Ile Glu Glu Ile Gly Arg His
 1820 1825 1830
 Lys Arg Ile Leu Val Leu Ile Pro Leu Arg Ala Ala Ala Glu Ser
 1835 1840 1845
 Val Tyr Glu Tyr Met Arg Glu Lys His Pro Ser Ile Ser Phe Asn
 1850 1855 1860
 Leu Arg Ile Gly Glu Met Lys Glu Gly Asp Met Ala Thr Gly Ile
 1865 1870 1875
 Thr Tyr Ala Ser Tyr Gly Tyr Phe Cys Glu Met His Glu Pro Lys
 1880 1885 1890
 Leu Arg Ala Ala Met Val Glu Tyr Ser Tyr Ile Phe Leu Arg Glu
 1895 1900 1905
 Tyr His Cys Ala Thr Pro Glu Glu Leu Ala Ile Ile Gly Lys Ile
 1910 1915 1920
 His Arg Phe Ser Glu Asn Leu Arg Val Val Ala Met Thr Ala Thr
 1925 1930 1935
 Pro Ala Gly Thr Val Thr Thr Thr Gly Glu Lys His Pro Ile Glu
 1940 1945 1950
 Glu Phe Ile Ala Pro Glu Val Met Lys Gly Glu Asp Leu Gly Ser
 1955 1960 1965
 Glu Phe Leu Asp Ile Ala Gly Leu Lys Ile Pro Thr Asp Glu Met

1970	1975	1980
Lys Gly Asn Met Leu Val 1985	Phe Val Pro Thr Arg 1990	Asn Met Ala Val 1995
Glu Thr Ala Lys Lys Leu Lys 2000	Ala Lys Gly Tyr Asn 2005	Ser Gly Tyr 2010
Tyr Tyr Ser Gly Glu Asp Pro 2015	Ala Asn Leu Arg Val 2020	Val Thr Ser 2025
Glu Ser Pro Tyr Val Val Val 2030	Ala Thr Asn Ala Ile 2035	Glu Ser Gly 2040
Val Thr Leu Pro Asp Leu Asp 2045	Val Val Val Asp Thr 2050	Gly Leu Lys 2055
Cys Glu Lys Arg Ile Arg Leu 2060	Ala Ser Lys Met Pro 2065	Phe Ile Val 2070
Thr Gly Leu Lys Arg Met Ala 2075	Val Thr Ile Gly Glu 2080	Gln Ala Gln 2085
Arg Arg Gly Arg Val Gly Arg 2090	Val Lys Pro Gly Arg 2095	Tyr Tyr Arg 2100
Ser Gln Glu Thr Ala Thr Gly 2105	Ser Lys Asp Tyr His 2110	Tyr Asp Leu 2115
Leu Gln Ala Gln Arg Tyr Gly 2120	Ile Glu Asp Gly Ile 2125	Asn Ile Thr 2130
Lys Ser Phe Arg Glu Met Asn 2135	Tyr Asp Trp Ser Leu 2140	Tyr Gln Glu 2145
Arg Ser Leu Met Ile Thr Glu 2150	Leu Glu Ile Leu Asn 2155	Asn Leu Leu 2160
Ile Ser Glu Asp Leu Pro Ile 2165	Ala Val Lys Asn Ile 2170	Met Ala Arg 2175
Thr Arg His Pro Glu Pro Ile 2180	Gln Leu Ala Tyr Asn 2185	Ser Tyr Glu 2190
Val Gln Val Pro Val Leu Phe 2195	Pro Lys Ile Arg Asn 2200	Gly Glu Val 2205

Thr	Asp	Ser	Tyr	Asp	Asn	Tyr	Thr	Phe	Leu	Asn	Ala	Arg	Lys	Leu
2318						2318						2320		
Gly	Asp	Asp	Val	Pro	Ala	Tyr	Ile	Tyr	Ala	Thr	Glu	Asp	Glu	Asp
2323						2320						2325		
Leu	Ala	Val	Glu	Leu	Asn	Gly	Leu	Asp	Trp	Pro	Asp	Pro	Gly	Asn
2340						2345						2350		
Glu	Ser	Thr	Val	Glu	Thr	Ser	Arg	Ala	Leu	Lys	Glu	Val	Ala	Gly
2355						2360						2365		
Leu	Ser	Ala	Ala	Glu	Asn	Ala	Leu	Leu	Val	Ala	Leu	Phe	Gly	Tyr
2370						2375						2380		
Val	Gly	Tyr	Glu	Ala	Leu	Ser	Lys	Arg	His	Ile	Pro	Ile	Val	Thr
2385						2390						2395		
Asp	Ile	Tyr	Thr	Val	Glu	Asp	His	Arg	Leu	Glu	Asp	Thr	Thr	Pro
2399						2405						2410		
Met	Glu	Tyr	Ala	Pro	Asn	Ala	Ile	Arg	Thr	Glu	Gly	Lys	Glu	Thr
2415						2420						2425		
Glu	Leu	Arg	Glu	Leu	Ala	Glu	Asp	Asp	Ile	Glu	Lys	Tyr	Ala	Glu
2430						2435						2440		
Ala	Val	Ala	Asp	Tyr	Ala	Lys	Glu	Gly	Val	Glu	Phe	Met	Lys	Thr
2445						2450						2455		
Glu	Ala	Leu	Lys	Ile	Arg	Glu	Thr	Pro	Thr	Phe	Lys	Asn	Ser	Val
2460						2465						2470		
Asp	Thr	Leu	Ser	Asp	Tyr	Val	Arg	Arg	Phe	Leu	Asp	Ser	Leu	Ala
2475						2480						2485		
Asp	Ser	Lys	Glu	Glu	Ile	Ile	Arg	Tyr	Gly	Leu	Trp	Gly	Thr	His
2490						2495						2500		
Thr	Ala	Leu	Tyr	Lys	Ser	Ile	Gly	Ala	Arg	Leu	Gly	Tyr	Glu	Thr
2505						2510						2515		
Ala	Phe	Ala	Thr	Leu	Val	Ile	Lys	Trp	Leu	Ala	Phe	Gly	Gly	Glu
2520						2525						2530		
Thr	Leu	Ser	Asp	His	Ile	Lys	Glu	Ala	Ala	Thr	Asp	Leu	Val	Val

2438	2440	2445
Tyr Tyr Ile Ile Asn Arg Pro Gln Phe Pro Gly Arg Thr Gln Thr		
2439	2455	2460
Gln Gln Gln Gly Arg Lys Phe Val Ala Ser Leu Leu Val Ser Ala		
2465	2470	2475
Leu Ala Thr Tyr Thr Tyr Lys Ser Trp Asn Tyr Asn Asn Leu Ala		
2480	2485	2490
Lys Ile Val Gln Pro Ala Leu Ala Cys Leu Pro Tyr Ala Ser Gln		
2495	2500	2505
Ala Leu Lys Leu Phe Ala Pro Thr Arg Leu Gln Ser Val Val Ile		
2510	2515	2520
Leu Ser Thr Ala Ile Tyr Lys Thr Tyr Leu Ala Ile Arg Arg Gly		
2525	2530	2535
Arg Ser Asp Gly Leu Leu Gly Thr Gly Val Ser Ala Ala Met Gln		
2540	2545	2550
Ile Met Ser Gln Asn Pro Val Ser Val Gly Ile Ala Val Met Leu		
2555	2560	2565
Gly Val Gly Ala Val Ala Ala His Asn Ala Ile Gln Ser Ser Gln		
2570	2575	2580
Gln Lys Arg Thr Leu Leu Met Lys Val Phe Val Lys Asn Phe Leu		
2585	2590	2595
Asp Gln Ala Ala Thr Asp Gln Leu Val Lys Gln Ser Pro Gln Lys		
2600	2605	2610
Ile Ile Met Ala Leu Phe Gln Ala Val Gln Thr Val Gly Asn Pro		
2615	2620	2625
Leu Arg Leu Ile Tyr His Leu Tyr Gly Val Phe Tyr Lys Gly Trp		
2630	2635	2640
Gln Ala Lys Gln Leu Ala Gln Arg Thr Ala Gly Arg Asn Leu Phe		
2645	2650	2655
Thr Leu Ile Met Phe Gln Ala Val Gln Leu Leu Gly Val Arg Ser		
2660	2665	2670

Glu Gly	Lys Met Arg Asn Leu	Ser Ser Asn Tyr Leu	Met Glu Met
2678	2680	2686	
Leu Asn	Lys Ile His Glu Ser	Ile Lys Val Asn Ile	Arg Lys Leu
2686	2695	2700	
Ala Ile	Ser Trp Ala Pro Ala	Pro Phe Ser Cys Asp	Trp Thr Pro
2706	2710	2715	
Ser Asp	Arg Arg Ile Thr Leu	Arg Cys Asp Asp Tyr	Leu Arg Val
2720	2725	2730	
Glu Thr	Lys Cys Pro Cys Gly	Tyr Arg Met Lys Ala	Val Lys Asn
2736	2740	2745	
Cys Ser	Gly Glu Leu Arg Leu	Leu Glu Glu Glu Gly	Ser Phe Leu
2750	2755	2760	
Cys Arg	Asn Lys Phe Gly Arg	Gly Phe Asp Asn Tyr	Arg Val Thr
2766	2770	2775	
Lys Tyr	Tyr Asp Asp Asn Leu	Glu Glu Ile Arg Pro	Gly Val Ile
2780	2785	2790	
Met Glu	Gly Glu Met Glu Leu	Tyr Tyr Lys Gly Thr	Thr Val Lys
2796	2800	2805	
Val Asp	Phe Asp Asn Ser Lys	Thr Val Val Ser Thr	Asp Lys Trp
2810	2815	2820	
Glu Met	Asp His Ala Thr Leu	Thr Arg Leu Leu Arg	Lys His Thr
2826	2830	2835	
Gly Val	Gly Cys Gly Gly Ala	Tyr Met Gly Asp Gln	Pro Ser Tyr
2840	2845	2850	
Lys Asn	Leu Ile Lys Arg Asp	Cys Ala Thr Ile Ser	Lys Asp Lys
2856	2860	2865	
Val Tyr	Phe Thr Lys Met Lys	Lys Gly Cys Ala Phe	Thr Tyr Asp
2870	2875	2880	
Leu Ser	Ile His Asn Leu Val	Arg Leu Ile Glu Leu	Val His Lys
2886	2890	2895	
Asn Asn	Leu Glu Glu Lys Glu	Ile Pro Ala Ala Thr	Val Thr Thr

2900	2905	2910
Tyr Leu Ala Tyr Thr Phe Val	Asn Glu Arg Ile Gly	Thr Ile Lys
2915	2920	2925
Pro Val Leu Gly Glu Lys Val	Ile Pro Glu Lys Val	Glu Arg Val
2930	2935	2940
Cys Leu Glu Pro Thr Val Lys	Val Arg Thr Ser Asn	Ile Ser Val
2945	2950	2955
Thr Val Val Gly Glu Ala Pro	Val Met Thr Thr Gly	Glu Thr Pro
2960	2965	2970
Val Glu Phe Leu Arg Lys Pro	Glu Arg Asn Ser Cys	Glu Pro Asn
2975	2980	2985
Leu Lys Leu Gly Phe Glu Glu	Gly Glu Tyr Pro Gly	Pro Ser Glu
2990	2995	3000
Glu Met Ser Gly Ile Asn Glu	Ala Val Ser Gly Glu	Arg Glu Arg
3005	3010	3015
Pro Met Val Ile Ile Val Gly	Ser Asn Lys Ala Thr	Ser Asn Arg
3020	3025	3030
Val Lys Thr Ala Lys Asn Val	Arg Val Tyr Lys Gly	Arg Asn Pro
3035	3040	3045
Val Glu Val Arg Asn Leu Leu	Arg Glu Gly Lys Ala	Leu Val Val
3050	3055	3060
Ala Leu Ala Glu Val Glu Val	Arg Leu Leu Arg Tyr	Val Arg Tyr
3065	3070	3075
Lys Gly Thr Phe Leu Thr Arg	Glu Thr Leu Glu Ala	Leu Ser Leu
3080	3085	3090
Gly Arg Pro Lys Pro Lys Asp	Leu Thr Lys Ala Glu	Ala Met Arg
3095	3100	3105
Leu Leu His Pro Glu Ser Gly	Leu Val Glu Leu Pro	Arg Tyr Phe
3110	3115	3120
Thr Ala Glu Glu Pro Leu Phe	Leu Glu Ala Thr Ile	Lys Glu Arg
3125	3130	3135

Lys Tyr His Leu Val Gly Asp Val Thr Thr Ile Arg Glu Lys Ala
 3143 3145 3150
 Lys Leu Leu Gly Ala Thr Asp Ser Thr Lys Ile Val Arg Gln Ala
 3155 3160
 Gly Ser Lys Ala Tyr Thr Met Lys Leu Ser Asn Trp Ile Met Gln
 3170 3175 3180
 Val Glu Asn Lys His Asn Asn Leu Thr Pro Leu Phe Glu Glu Leu
 3185 3190
 Met Leu Arg Cys Pro Pro Gly Lys Glu Met Arg Ser Glu His Met
 3200 3205 3210
 Val Thr Ala Tyr Gln Leu Ala Gln Gly Asn Trp Met Pro Thr Ser
 3215 3220 3225
 Cys Asn Val Phe Leu Gly Thr Ile Pro Ala Lys Arg Val Lys Thr
 3230 3235 3240
 His Pro Tyr Glu Ala Tyr Val Lys Leu Lys Asp Leu Leu Glu Glu
 3245 3250 3255
 His Gly Met Lys Thr Leu His Gly Gly Ser Gly Leu Arg Glu His
 3260 3265 3270
 Asn Asn Trp Ile Val Gly Lys Val Lys His Gln Gly Asn Leu Arg
 3275 3280 3285
 Thr Lys His Ile Leu Asn Pro Gly Arg Val Ala Glu Gln Leu Gln
 3290 3295 3300
 Arg Glu Gly His Lys His Asn Val Tyr Asn Lys Ile Ile Gly Ser
 3305 3310 3315
 Thr Met Thr Ala Val Gly Ile Arg Leu Glu Arg Leu Pro Val Val
 3320 3325 3330
 Arg Ala Gln Thr Asp Thr Thr Ser Phe His Gln Ala Ile Arg Asp
 3335 3340 3345
 Lys Ile Asp Lys Arg Glu Asn Leu Glu Thr Pro Gly Leu His Gly
 3350 3355 3360
 Lys Leu Leu Glu Ile Phe Asn Thr Leu Lys Lys Asn Asp Leu Ala

3365	3370	3375
Glu Thr Tyr Asp Ala Val Glu Trp Glu Glu Leu Glu Arg Gly Val		
3380	3385	3390
Asn Arg Lys Gly Ala Ala Gly Phe Phe Glu His Lys Asn Ile Gly		
3395	3400	3405
Glu Val Leu Asn Thr Glu Lys Glu Lys Val Glu Arg Leu Ile Lys		
3410	3415	3420
Asp Leu Lys Ser Gly Lys His Ile Lys Tyr Tyr Glu Thr Ala Ile		
3425	3430	3435
Pro Lys Asn Glu Lys Arg Asp Val Asn Asp Asp Trp Glu Ala Gly		
3440	3445	3450
Asp Tyr Val Glu Glu Lys Lys Pro Arg Val Ile Glu Tyr Pro Glu		
3455	3460	3465
Ala Lys Val Arg Leu Ala Ile Thr Lys Val Met Tyr Lys Trp Val		
3470	3475	3480
Lys Glu Lys Pro Val Val Ile Pro Gly Tyr Glu Gly Lys Thr Pro		
3485	3490	3495
Leu Phe Glu Val Phe Asp Lys Val Lys Lys Glu Trp Asp Glu Phe		
3500	3505	3510
His Asn Pro Val Ala Val Ser Phe Asp Thr Lys Ala Trp Asp Thr		
3515	3520	3525
Glu Val Thr Thr Lys Asp Leu Glu Leu Ile Gly Glu Ile Glu Lys		
3530	3535	3540
Tyr Tyr Phe Lys Lys Glu Trp His Arg Phe Ile Asp Thr Ile Thr		
3545	3550	3555
Glu His Met Val Glu Val Pro Val Ile Thr Ala Asp Gly Glu Val		
3560	3565	3570
Tyr Ile Arg Asn Gly Glu Arg Gly Ser Gly Glu Pro Asp Thr Ser		
3575	3580	3585
Ala Gly Asn Ser Met Leu Asn Val Leu Thr Met Ile Tyr Ala Phe		
3590	3595	3600

Cys	Glu	Ala	Thr	Gly	Val	Pro	Tyr	Lys	Ser	Phe	Asn	Arg	Val	Ala
3605						3610					3615			
Lys	Ile	His	Val	Cys	Gly	Asp	Asp	Gly	Phe	Leu	Ile	Thr	Glu	Arg
3620						3625					3630			
Ala	Leu	Gly	Glu	Lys	Phe	Ala	Ser	Arg	Gly	Val	Gln	Ile	Leu	Tyr
3635						3640					3645			
Glu	Ala	Gly	Lys	Pro	Gln	Lys	Ile	Thr	Glu	Gly	Asp	Tyr	Met	Lys
3650						3655					3660			
Val	Ala	Tyr	Lys	Phe	Asp	Asp	Ile	Glu	Phe	Cys	Ser	His	Thr	Pro
3665						3670					3675			
Ile	Gln	Val	Arg	Trp	Ser	Asp	Asn	Thr	Ser	Ser	Tyr	Met	Pro	Gly
3680						3685					3690			
Arg	Asn	Thr	Ala	Thr	Ile	Leu	Ala	Lys	Met	Ala	Thr	Arg	Leu	Asp
3695						3700					3705			
Ser	Ser	Gly	Glu	Arg	Gly	Thr	Thr	Ala	Tyr	Glu	Lys	Ala	Val	Ala
3710						3715					3720			
Phe	Ser	Phe	Leu	Leu	Met	Tyr	Ser	Trp	Asn	Pro	Leu	Val	Arg	Arg
3725						3730					3735			
Ile	Cys	Leu	Leu	Thr	Leu	Ser	Thr	Gln	Pro	Glu	Val	Lys	Pro	Ser
3740						3745					3750			
Lys	Ala	Thr	Thr	Tyr	Tyr	Tyr	Gln	Gly	Asp	Pro	Ile	Ser	Ala	Tyr
3755						3760					3765			
Lys	Glu	Val	Ile	Gly	His	Asn	Leu	Gln	Asp	Leu	Lys	Arg	Thr	Gly
3770						3775					3780			
Phe	Glu	Lys	Leu	Ala	Gln	Leu	Asn	Leu	Ser	Met	Thr	Thr	Leu	Gly
3785						3790					3795			
Ile	Trp	Thr	Arg	His	Thr	Ser	Lys	Arg	Leu	Leu	Gln	Asp	Cys	Val
3800						3805					3810			
Asn	Thr	Gly	Ala	Ser	Gln	Gly	Asn	Trp	Leu	Val	Asn	Ala	Asp	Arg
3815						3820					3825			
Leu	Val	Ser	Ser	Lys	Thr	Leu	Arg	Thr	Tyr	Val	Pro	Gly	Lys	Gly

```

3320
3325
3340
His Thr Leu Glu Gly Lys His Tyr Glu Glu Leu Met Leu Asn Lys
3345
3350
3355
Arg Thr Leu Thr Ser Tyr Val Gly Thr Glu Arg Tyr Asn Leu Gly
3360
3365
3370
Pro Ile Val Asn Ile Val Leu Arg Arg Leu Lys Val Leu Met Met
3375
3380
3385
Ala Cys Ile Gly Val Arg Glu
3390
3395
<210> 54
<211> 3398
<212> E150K
<213> Nonimpaired CSFV
<400> 54
Met Glu Leu Asn His Phe Glu Leu Leu Tyr Lys Thr Asn Lys Glu Lys
1 5 10 15
Pro Met Gly Val Glu Glu Pro Val Tyr Asp Ala Thr Gly Lys Pro Leu
20 25 30
Phe Gly Asp Pro Ser Glu Val His Pro Glu Ser Thr Leu Lys Leu Pro
35 40 45
His Asp Arg Gly Arg Gly Asn Ile Lys Thr Thr Leu Lys Asn Leu Pro
50 55 60
Arg Lys Gly Asp Cys Arg Ser Gly Asn His Leu Gly Pro Val Ser Gly
65 70 75 80
Ile Tyr Val Lys Pro Gly Pro Val Phe Tyr Glu Asp Tyr Met Gly Pro
85 90 95
Val Tyr His Arg Ala Pro Leu Glu Phe Phe Ser Glu Ala Glu Phe Cys
100 105 110
Glu Val Thr Lys Arg Ile Gly Arg Val Thr Gly Ser Asp Gly Arg Leu
115 120 125
Tyr His Ile Tyr Val Cys Ile Asp Gly Cys Ile Leu Leu Lys Leu Ala
130 135 140

```

Lys Arg Gly Glu Pro Arg Thr Leu Lys Trp Ile Arg Asn Ser Thr Asp
 145 150 155 160
 Cys Pro Leu Trp Val Thr Ser Cys Ser Asp Asp Gly Ala Ser Gly Ser
 165 170 175
 Lys Glu Lys Lys Pro Asp Arg Ile Asn Lys Gly Lys Leu Lys Ile Ala
 180 185 190
 Pro Lys Glu His Glu Lys Asp Ser Arg Thr Lys Pro Pro Asp Ala Thr
 195 200 205
 Ile Val Val Glu Gly Val Lys Tyr Glu Val Lys Lys Lys Gly Lys Val
 210 215 220
 Lys Gly Lys Asn Thr Glu Asp Gly Leu Tyr His Asn Lys Asn Lys Pro
 225 230 235 240
 Pro Glu Ser Arg Lys Lys Leu Glu Lys Ala Leu Leu Ala Trp Ala Val
 245 250 255
 Ile Ala Ile Met Leu Tyr Glu Pro Val Glu Ala Glu Asn Ile Thr Glu
 260 265 270
 Trp Asn Leu Ser Asp Asn Gly Thr Asn Gly Ile Glu His Ala Met Tyr
 275 280 285
 Leu Arg Gly Ile Ser Arg Ser Leu His Gly Ile Trp Pro Glu Lys Ile
 290 295 300
 Cys Lys Gly Val Pro Thr Tyr Leu Ala Thr Asp Thr Glu Leu Lys Glu
 305 310 315 320
 Ile Glu Gly Met Met Asp Ala Ser Glu Gly Thr Asn Tyr Thr Cys Cys
 325 330 335
 Lys Leu Glu Arg His Glu Trp Asn Lys His Gly Trp Cys Asn Trp Tyr
 340 345 350
 Asn Ile Asp Pro Trp Ile Glu Leu Met Asn Arg Thr Glu Ala Asn Leu
 355 360 365
 Ala Glu Gly Pro Pro Ala Lys Glu Cys Ala Val Thr Cys Arg Tyr Asp
 370 375 380
 Lys Asp Ala Asp Val Asn Val Val Thr Glu Ala Arg Asn Arg Pro Thr
 385 390 395 400

Thr Leu Thr Gly Cys Lys Lys Gly Lys Asn Phe Ser Phe Ala Gly Thr
 405 410 415
 Val Ile Glu Gly Pro Cys Asn Phe Asn Val Ser Val Glu Arg Ile Leu
 420 425 430
 Tyr Gly Arg His Glu Cys Gly Ser Leu Leu Glu Arg Thr Ala Leu Tyr
 435 440 445
 Leu Val Arg Gly Met Thr Asn Thr Ile Glu Asn Ala Arg Glu Gly Ala
 450 455 460
 Ala Arg Val Thr Ser Trp Leu Gly Arg Glu Leu Arg Ile Ala Gly Lys
 465 470 475 480
 Arg Leu Glu Gly Arg Ser Lys Thr Trp Phe Gly Ala Tyr Ala Leu Ser
 485 490 495
 Pro Tyr Cys Asn Val Thr Ser Lys Ile Gly Tyr Ile Trp Tyr Thr Asn
 500 505 510
 Asn Cys Thr Pro Ala Cys Leu Pro Lys Asn Thr Lys Ile Ile Gly Pro
 515 520 525
 Gly Lys Phe Asp Thr Asn Ala Glu Arg Gly Lys Ile Leu His Glu Met
 530 535 540
 Gly Gly His Leu Ser Glu Phe Leu Leu Leu Ser Leu Val Val Leu Ser
 545 550 555 560
 Arg Phe Ala Pro Glu Thr Ala Ser Ala Leu Tyr Leu Ile Leu His Tyr
 565 570 575
 Val Ile Pro Glu Ser His Glu Glu Pro Glu Gly Cys Arg Thr Asn Glu
 580 585 590
 Leu Asn Leu Thr Val Glu Leu Arg Thr Glu Asp Val Ile Pro Ser Ser
 595 600 605
 Val Trp Asn Val Gly Lys Tyr Val Cys Val Arg Pro Arg Trp Trp Pro
 610 615 620
 Tyr Glu Thr Lys Val Ala Leu Leu Phe Glu Glu Ala Gly Glu Val Val
 625 630 635 640

Lys Leu Ala Leu Arg Ala Leu Arg Asp Leu Thr Arg Val Trp Asn Ser
 645 650 655
 Ala Ser Thr Thr Ala Phe Leu Ile Cys Leu Ile Lys Val Leu Arg Gly
 660 665 670
 Gln Ile Val Gln Gly Val Ile Trp Leu Leu Leu Val Thr Gly Ala Gln
 675 680 685
 Gly Gln Leu Ala Cys Lys Glu Asp Tyr Arg Tyr Ala Ile Ser Ser Thr
 690 695 700
 Asn Glu Ile Gly Leu Leu Gly Ala Gly Gly Leu Thr Thr Thr Trp Lys
 705 710 715 720
 Glu Tyr Asn His Arg Leu Gln Leu Asn Arg Gly Thr Val Lys Ala Ile
 725 730 735
 Cys Val Ala Gly Ser Phe Lys Val Thr Ala Leu Asn Val Val Ser Arg
 740 745 750
 Arg Tyr Leu Ala Ser Leu His Lys Glu Ala Leu Pro Thr Ser Val Thr
 755 760 765
 Phe Glu Leu Leu Phe Arg Gly Thr Asn Pro Ser Thr Glu Glu Met Gly
 770 775 780
 Arg Arg Phe Gly Phe Gly Leu Cys Pro Phe Asp Thr Ser Pro Val Val
 785 790 795 800
 Lys Gly Lys Tyr Asn Thr Thr Leu Leu Asn Gly Ser Ala Phe Tyr Leu
 805 810 815
 Val Cys Pro Ile Gly Trp Thr Gly Val Ile Glu Cys Thr Ala Val Ser
 820 825 830
 Pro Thr Thr Leu Arg Thr Glu Val Val Lys Thr Phe Arg Arg Asp Lys
 835 840 845
 Pro Phe Pro His Arg Met Asp Cys Val Thr Thr Thr Val Glu Asn Glu
 850 855 860
 Asp Leu Phe Tyr Cys Lys Leu Gly Gly Asn Trp Thr Cys Val Lys Gly
 865 870 875 880
 Glu Pro Val Val Tyr Thr Gly Gly Leu Val Lys Glu Cys Arg Trp Cys
 885 890 895

Gly Phe Asp Phe Asn Glu Pro Arg Gly Leu Pro His Tyr Pro Ile Gly
900 905 910

Lys Cys Ile Leu Ala Asn Glu Thr Gly Tyr Arg Ile Val Asp Ser Thr
915 920 925

Arg Cys Asn Arg Arg Gly Val Val Ile Ser Thr Glu Gly Ser His Glu
930 935 940

Cys Leu Ile Gly Asn Thr Thr Val Lys Val His Ala Ser Asp Glu Arg
945 950 955 960

Leu Gly Pro Met Pro Cys Arg Pro Lys Glu Ile Val Ser Ser Ala Gly
965 970 975

Pro Val Arg Lys Thr Ser Cys Thr Phe Asn Tyr Ala Lys Thr Leu Lys
980 985 990

Asn Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg Arg Ser Tyr Phe Glu Glu Tyr Met L
995 1000 1005

Lys Gly Glu Tyr Glu Tyr Trp Phe Asp Leu Asp Val Thr Arg Arg
1010 1015 1020

His Ser Asp Tyr Phe Ala Glu Phe Val Val Leu Val Val Val Ala
1025 1030 1035

Leu Leu Gly Gly Arg Tyr Ile Leu Trp Leu Ile Val Thr Tyr Ile
1040 1045 1050

Val Leu Thr Glu Glu Leu Ala Ala Gly Leu Pro Leu Gly Glu Gly
1055 1060 1065

Glu Val Val Leu Ile Gly Asn Leu Ile Thr His Thr Asp Ile Glu
1070 1075 1080

Val Val Val Tyr Phe Leu Leu Leu Tyr Leu Val Met Arg Asp Glu
1085 1090 1095

Pro Ile Lys Lys Trp Ile Leu Leu Leu Phe His Ala Met Thr Asn
1100 1105 1110

Asn Pro Val Lys Thr Ile Thr Val Ala Leu Leu Met Val Ser Gly
1115 1120 1125

Val	Ala	Arg	Gly	Gly	Lys	Ile	Asp	Gly	Gly	Trp	Gln	Arg	Leu	Pro
1120						1125					1130			
Gln	Thr	Ser	Phe	Asp	Ile	Gln	Leu	Ala	Leu	Thr	Val	Ile	Val	Val
1135					1140						1145			
Ala	Val	Met	Leu	Leu	Ala	Lys	Arg	Asp	Pro	Thr	Thr	Val	Pro	Leu
1150					1155						1160			
Val	Val	Thr	Val	Ala	Thr	Leu	Arg	Thr	Ala	Lys	Met	Thr	Asn	Gly
1175					1180						1185			
Leu	Ser	Thr	Asp	Ile	Ala	Ile	Ala	Thr	Val	Ser	Thr	Ala	Leu	Leu
1190					1195						1200			
Thr	Trp	Thr	Tyr	Ile	Ser	Asp	Tyr	Tyr	Arg	Tyr	Lys	Thr	Trp	Leu
1205					1210						1215			
Gln	Tyr	Leu	Ile	Ser	Thr	Val	Thr	Gly	Ile	Phe	Leu	Ile	Arg	Val
1220					1225						1230			
Leu	Lys	Gly	Ile	Gly	Gln	Leu	Asp	Leu	Ala	Thr	Pro	Thr	Leu	Pro
1235					1240						1245			
Ser	Tyr	Arg	Pro	Leu	Phe	Phe	Ile	Leu	Val	Tyr	Leu	Ile	Ser	Thr
1250					1255						1260			
Ala	Val	Val	Thr	Arg	Trp	Asn	Leu	Asp	Ile	Ala	Gly	Leu	Leu	Leu
1265					1270						1275			
Gln	Cys	Val	Pro	Thr	Leu	Leu	Met	Val	Phe	Thr	Met	Tyr	Ala	Asp
1280					1285						1290			
Ile	Leu	Thr	Leu	Ile	Leu	Ile	Leu	Pro	Thr	Tyr	Gln	Leu	Thr	Lys
1295					1300						1305			
Leu	Tyr	Tyr	Leu	Lys	Gln	Val	Lys	Ile	Gly	Ala	Gln	Arg	Gly	Trp
1310					1315						1320			
Leu	Trp	Lys	Thr	Asn	Phe	Lys	Arg	Val	Asn	Asp	Ile	Tyr	Gln	Val
1325					1330						1335			
Asp	Gln	Ala	Gly	Gln	Gly	Val	Tyr	Leu	Phe	Pro	Ser	Lys	Gln	Lys
1340					1345						1350			
Thr	Ser	Ser	Ile	Thr	Gly	Thr	Met	Leu	Pro	Leu	Ile	Lys	Ala	Ile
1355					1360						1365			

Leu	Ile	Ser	Cys	Ile	Ser	Asn	Lys	Trp	Gln	Phe	Ile	Tyr	Leu	Leu
1370							1375					1380		
Tyr	Leu	Ile	Phe	Glu	Val	Ser	Tyr	Tyr	Leu	His	Lys	Lys	Ile	Ile
1385							1390					1395		
Asp	Glu	Ile	Ala	Gly	Gly	Thr	Asn	Phe	Ile	Ser	Arg	Leu	Val	Ala
1400							1405					1410		
Ala	Leu	Ile	Glu	Ala	Asn	Trp	Ala	Phe	Asp	Asn	Gln	Glu	Val	Arg
1415							1420					1425		
Gly	Leu	Lys	Lys	Phe	Phe	Leu	Leu	Ser	Ser	Arg	Val	Lys	Gln	Leu
1430							1435					1440		
Ile	Ile	Lys	His	Lys	Val	Arg	Asn	Glu	Val	Met	Val	His	Trp	Phe
1445							1450					1455		
Gly	Asp	Glu	Glu	Val	Tyr	Gly	Met	Pro	Lys	Leu	Val	Gly	Leu	Val
1460							1465					1470		
Lys	Ala	Ala	Thr	Leu	Ser	Lys	Asn	Lys	His	Cys	Ile	Leu	Cys	Thr
1475							1480					1485		
Val	Cys	Glu	Asp	Arg	Glu	Trp	Arg	Gly	Glu	Thr	Cys	Pro	Lys	Cys
1490							1495					1500		
Gly	Arg	Phe	Gly	Pro	Pro	Met	Thr	Cys	Gly	Met	Thr	Leu	Ala	Asp
1505							1510					1515		
Phe	Glu	Glu	Lys	His	Tyr	Lys	Arg	Ile	Phe	Phe	Arg	Glu	Asp	Gln
1520							1525					1530		
Ser	Glu	Gly	Pro	Val	Arg	Glu	Glu	Tyr	Ala	Gly	Tyr	Leu	Gln	Tyr
1535							1540					1545		
Arg	Ala	Arg	Gly	Gln	Leu	Phe	Leu	Arg	Asn	Leu	Pro	Val	Leu	Ala
1550							1555					1560		
Thr	Lys	Val	Lys	Met	Leu	Leu	Val	Gly	Asn	Leu	Gly	Thr	Glu	Val
1565							1570					1575		
Gly	Asp	Leu	Glu	His	Leu	Gly	Trp	Val	Leu	Arg	Gly	Pro	Ala	Val
1580							1585					1590		

Cys Lys Lys Val Thr Glu His	Glu Lys Cys Thr Thr	Ser Ile Met
1698	1800	1805
Asp Lys Leu Thr Ala Phe Phe	Gly Val Met Pro Arg Gly Thr Thr	
1610	1813	1820
Pro Arg Ala Pro Val Arg Phe	Pro Thr Ser Leu Leu Lys Ile Arg	
1625	1820	1835
Arg Gly Leu Glu Thr Gly Trp	Ala Tyr Thr His Glu Gly Gly Ile	
1640	1845	1850
Ser Ser Val Asp His Val Thr	Cys Gly Lys Asp Leu Leu Val Cys	
1655	1860	1865
Asp Thr Met Gly Arg Thr Arg	Val Val Cys Gln Ser Asn Asn Lys	
1670	1875	1880
Met Thr Asp Glu Ser Glu Trp	Gly Val Lys Thr Asp Ser Gly Cys	
1685	1890	1895
Pro Glu Gly Ala Arg Cys Tyr	Val Phe Asn Pro Glu Ala Val Asn	
1700	1905	1910
Ile Ser Gly Thr Lys Gly Ala	Met Val His Leu Gln Lys Thr Gly	
1715	1920	1925
Gly Glu Phe Thr Cys Val Thr	Ala Ser Gly Thr Pro Ala Phe Phe	
1730	1935	1940
Asp Leu Lys Asn Leu Lys Gly	Trp Ser Gly Leu Pro Ile Phe Glu	
1745	1950	1955
Ala Ser Ser Gly Arg Val Val	Gly Arg Val Lys Val Gly Lys Asn	
1760	1965	1970
Glu Asp Ser Lys Pro Thr Lys	Leu Met Ser Gly Ile Gln Thr Val	
1775	1980	1985
Ser Lys Ser Thr Thr Asp Leu	Thr Glu Met Val Lys Lys Ile Thr	
1790	1995	2000
Thr Met Asn Arg Gly Glu Phe	Arg Gln Ile Thr Leu Ala Thr Gly	
1805	2010	2015
Ala Gly Lys Thr Thr Glu Leu	Pro Arg Ser Val Ile Glu Glu Ile	
1820	2025	2030

Gly Arg His Lys Arg Val Leu Val Leu Ile Pro Leu Arg Ala Ala
1835 1840 1845

Ala Glu Ser Val Tyr Glu Tyr Met Arg Glu Lys His Pro Ser Ile
1850 1855 1860

Ala Phe Asn Leu Arg His Gly Glu Met Lys Glu Gly Asp Met Ala
1865 1870 1875

Thr Gly Ile Thr Tyr Ala Ser Tyr Gly Tyr Phe Cys Glu Met Pro
1880 1885 1890

Glu Pro Lys Leu Arg Ala Ala Met Val Glu Tyr Ser Phe Ile Phe
1895 1900 1905

Leu Asp Glu Tyr His Cys Ala Thr Pro Glu Glu Leu Ala Ile Met
1910 1915 1920

Gly Lys His His Arg Phe Ser Glu Asn Leu Arg Val Val Ala Met
1925 1930 1935

Thr Ala Thr Pro Ala Gly Thr Val Thr Thr Thr Gly Glu Lys His
1940 1945 1950

Pro Ile Glu Glu Phe Ile Ala Pro Glu Val Met Lys Gly Glu Asp
1955 1960 1965

Leu Gly Ser Glu Tyr Leu Asp Ile Ala Gly Leu Lys Ile Pro Val
1970 1975 1980

Glu Glu Met Lys Ser Asn Met Leu Val Phe Val Pro Thr Arg Asn
1985 1990 1995

Met Ala Val Glu Thr Ala Lys Lys Leu Lys Ala Lys Gly Tyr Asn
2000 2005 2010

Ser Gly Tyr Tyr Tyr Ser Gly Glu Asp Pro Ser Asn Leu Arg Val
2015 2020 2025

Val Thr Ser Glu Ser Pro Tyr Val Val Val Ala Thr Asn Ala Ile
2030 2035 2040

Glu Ser Gly Val Thr Leu Pro Asp Leu Asp Val Val Val Asp Thr
2045 2050 2055

Gly Leu Lys Cys Glu Lys Arg Ile Arg Leu Ser Pro Lys Met Pro
 2060 2065 2070
 Phe Ile Val Thr Gly Leu Lys Arg Met Ala Val Thr Ile Gly Glu
 2075 2080 2085
 Glu Ala Gln Arg Arg Gly Arg Val Gly Arg Val Lys Pro Gly Arg
 2090 2095 2100
 Tyr Tyr Arg Ser Gln Glu Thr Pro Val Gly Ser Lys Asp Tyr His
 2105 2110 2115
 Tyr Asp Leu Leu Gln Ala Gln Arg Tyr Gly Ile Glu Asp Gly Ile
 2120 2125 2130
 Asn Ile Thr Lys Ser Phe Arg Glu Met Asn Tyr Asp Trp Ser Leu
 2135 2140 2145
 Tyr Glu Glu Asp Ser Leu Met Ile Thr Gln Leu Glu Ile Leu Asn
 2150 2155 2160
 Asn Leu Leu Ile Ser Gln Gln Leu Pro Met Ala Val Lys Asn Ile
 2165 2170 2175
 Met Ala Arg Thr Asp His Pro Glu Pro Ile Gln Leu Ala Tyr Asn
 2180 2185 2190
 Ser Tyr Glu Thr Gln Val Pro Val Leu Phe Pro Lys Ile Lys Asn
 2195 2200 2205
 Gly Glu Val Thr Asp Ser Tyr Asp Asn Tyr Thr Phe Leu Asn Ala
 2210 2215 2220
 Arg Lys Leu Gly Asp Asp Val Pro Pro Tyr Val Tyr Ala Thr Glu
 2225 2230 2235
 Asp Glu Asp Leu Ala Val Glu Leu Leu Gly Leu Asp Trp Pro Asp
 2240 2245 2250
 Pro Gly Asn Gln Gly Thr Val Glu Ala Gly Arg Ala Leu Lys Gln
 2255 2260 2265
 Val Val Gly Leu Ser Thr Ala Glu Asn Ala Leu Leu Val Ala Leu
 2270 2275 2280
 Phe Gly Tyr Val Gly Tyr Gln Ala Leu Ser Lys Arg His Ile Pro
 2285 2290 2295

Val Val	Thr Asp	Ile Tyr	Ser	Ile Glu	Asp His	Arg	Leu Glu	Asp	
2300			2305			2310			
Thr Thr	His Leu	Glu Tyr	Ala	Pro Asn	Ala Ile	Lys	Thr Glu	Gly	
2315			2320			2325			
Lys Glu	Thr Glu	Leu Lys	Glu	Leu Ala	Glu Gly	Asp	Val Glu	Arg	
2330			2335			2340			
Cys Val	Glu Ala	Met Thr	Asn	Tyr Ala	Arg Glu	Gly	Ile Glu	Phe	
2345			2350			2355			
Met Lys	Ser Glu	Ala Leu	Lys	Val Lys	Glu Thr	Pro	Thr Tyr	Lys	
2360			2365			2370			
Glu Thr	Met Asp	Thr Val	Thr	Asp Tyr	Val Lys	Lys	Phe Met	Glu	
2375			2380			2385			
Ala Leu	Thr Asp	Ser Lys	Glu	Asp Ile	Ile Lys	Tyr	Gly Leu	Trp	
2390			2395			2400			
Gly Thr	His Thr	Ala Leu	Tyr	Lys Ser	Ile Cys	Ala	Arg Leu	Gly	
2405			2410			2415			
Ser Glu	Thr Ala	Phe Ala	Thr	Leu Val	Val Lys	Trp	Leu Ala	Phe	
2420			2425			2430			
Gly Gly	Glu Ser	Ile Ala	Asp	His Val	Lys Glu	Ala	Ala Thr	Asp	
2435			2440			2445			
Leu Val	Val Tyr	Tyr Ile	Ile	Asn Arg	Pro Glu	Phe	Pro Gly	Asp	
2450			2455			2460			
Thr Glu	Thr Glu	Glu Glu	Gly	Arg Lys	Phe Val	Ala	Ser Leu	Leu	
2465			2470			2475			
Val Ser	Ala Leu	Val Thr	Tyr	Thr Tyr	Lys Ser	Trp	Asn Tyr	Asn	
2480			2485			2490			
Asn Leu	Ser Lys	Ile Val	Glu	Pro Ala	Leu Ala	Thr	Leu Pro	Tyr	
2495			2500			2505			
Ala Ala	Thr Ala	Leu Lys	Leu	Phe Ala	Pro Thr	Arg	Leu Glu	Ser	
2510			2515			2520			

Val Val	Ile Leu Ser Thr Ala	Ile Tyr Lys Thr Tyr	Leu Ser Ile
2525	2530	2535	
Arg Arg	Gly Lys Ser Asp Gly	Leu Leu Gly Thr Gly	Val Ser Ala
2540	2545	2550	
Ala Met	Glu Ile Met Ser Gln	Asn Pro Val Ser Val	Gly Ile Ala
2555	2560	2565	
Val Met	Leu Gly Val Gly Ala	Val Ala Ala His Asn	Ala Ile Glu
2570	2575	2580	
Ala Ser	Glu Gln Lys Arg Thr	Leu Leu Met Lys Val	Phe Val Lys
2585	2590	2595	
Asn Phe	Leu Asp Glu Ala Ala	Thr Asp Glu Leu Val	Lys Glu Ser
2600	2605	2610	
Pro Glu	Lys Ile Ile Met Ala	Leu Phe Glu Ala Val	Gln Thr Val
2615	2620	2625	
Gly Asn	Pro Leu Arg Leu Val	Tyr His Leu Tyr Gly	Val Phe Tyr
2630	2635	2640	
Lys Gly	Trp Glu Ala Lys Glu	Leu Ala Gln Arg Thr	Ala Gly Arg
2645	2650	2655	
Asn Leu	Phe Thr Leu Ile Met	Phe Glu Ala Val Glu	Leu Leu Gly
2660	2665	2670	
Val Asp	Ser Glu Gly Lys Ile	Arg Gln Leu Ser Ser	Asn Tyr Ile
2675	2680	2685	
Leu Glu	Leu Leu Tyr Lys Phe	Arg Asp Ser Ile Lys	Ser Ser Val
2690	2695	2700	
Arg Glu	Met Ala Ile Ser Trp	Ala Pro Ala Pro Phe	Ser Cys Asp
2705	2710	2715	
Trp Thr	Pro Thr Asp Asp Arg	Ile Gly Leu Pro Gln	Arg Asn Phe
2720	2725	2730	
Leu Glu	Val Glu Thr Lys Cys	Pro Cys Gly Tyr Lys	Met Lys Ala
2735	2740	2745	
Val Lys	Asn Cys Ala Gly Glu	Leu Arg Leu Leu Glu	Gln Glu Gly
2750	2755	2760	

Ser Phe	Leu Cys	Arg Asn	Lys	Phe Gly	Arg Gly	Ser	Arg Asn	Tyr
2785			2770			2775		
Arg Val	Thr Lys	Tyr Tyr	Arg	Arg Asn	Leu Ser	Glu	Ile Lys	Pro
2780			2785			2790		
Val Ile	Arg Met	Glu Gly	His	Val Glu	Leu Tyr	Tyr	Lys Gly	Ala
2795			2800			2805		
Thr Ile	Lys Leu	Arg Phe	Asn	Asn Ser	Lys Thr	Ile	Leu Ala	Thr
2810			2815			2820		
Arg Lys	Tyr Glu	Val Arg	His	Ser Thr	Leu Val	Arg	Val Leu	Lys
2825			2830			2835		
Arg His	Thr Gly	Ala Gly	Tyr	His Gly	Ala Tyr	Leu	Gly Glu	Lys
2840			2845			2850		
Pro Asn	His Lys	His Leu	Ile	Glu Arg	Arg Cys	Ala	Thr Ile	Thr
2855			2860			2865		
Lys Arg	Lys Val	Cys Phe	Leu	Lys Met	Lys Arg	Gly	Cys Ala	Phe
2870			2875			2880		
Thr Tyr	Arg Leu	Ser Leu	His	Asn Leu	Thr Arg	Leu	Ile Glu	Leu
2885			2890			2895		
Val His	Lys Asn	Asn Leu	Glu	Arg Lys	Glu Ile	Pro	Ala Val	Thr
2900			2905			2910		
Val Thr	Thr Trp	Leu Ala	Tyr	Thr Phe	Val Asn	Glu	Arg Ile	Gly
2915			2920			2925		
Thr Ile	Lys Pro	Ala Phe	Gly	Glu Lys	Val Thr	Pro	Glu Met	Glu
2930			2935			2940		
Glu Glu	Ile Thr	Leu Glu	Pro	Ala Val	Val Val	Arg	Thr Thr	Arg
2945			2950			2955		
Val Thr	Val Thr	Val Val	Gly	Glu Ala	Pro Thr	Met	Thr Thr	Gly
2960			2965			2970		
Glu Thr	Pro Thr	Ala Phe	Thr	Ser Ser	Gly Ser	Arg	Pro Lys	Gly
2975			2980			2985		

Gln Gln	Val Leu Lys Leu Gly	Val Gly Gln Gly Gln	Tyr Pro Gly
2990	2995		3000
Thr Asn	Pro Gln Arg Ala Ser	Leu His Gln Ala Ile	Gln Gly Ala
3005	3010		3015
Asp Gln	Arg Pro Ser Val Leu	Ile Leu Gly Ser Asp	Lys Ala Thr
3020	3025		3030
Ser Asn	Arg Val Lys Thr Ala	Lys Asn Val Lys Val	Tyr Arg Gly
3035	3040		3045
Arg Asp	Pro Leu Gln Val Arg	Arg Met Met Arg Arg	Gly Lys Ile
3050	3055		3060
Leu Val	Ile Ala Leu Ser Arg	Val Asp Asn Ala Leu	Leu Lys Phe
3065	3070		3075
Val Asp	Tyr Lys Gly Thr Phe	Leu Thr Arg Gln Thr	Leu Gln Ala
3080	3085		3090
Leu Ser	Leu Gly Arg Pro Lys	Lys Lys Asn Ile Thr	Lys Ala Gln
3095	3100		3105
Ala Gln	Trp Leu Leu Cys Leu	Gln Asp Gln Met Gln	Gln Leu Pro
3110	3115		3120
Asp Trp	Phe Ala Ala Gly Gln	Pro Ile Phe Leu Gln	Ala Asn Ile
3125	3130		3135
Lys His	Asp Arg Tyr His Leu	Val Gly Asp Ile Ala	Thr Ile Lys
3140	3145		3150
Gln Lys	Ala Lys Gln Leu Gly	Ala Thr Asp Ser Thr	Lys Ile Ser
3155	3160		3165
Lys Gln	Val Gly Ala Lys Val	Tyr Ser Met Lys Leu	Ser Asn Trp
3170	3175		3180
Val Met	Gln Gln Gln Asn Lys	Gln Gly Asn Leu Thr	Pro Leu Phe
3185	3190		3195
Gln Gln	Leu Leu Gln Gln Cys	Pro Pro Gly Gly Gln	Asn Lys Thr
3200	3205		3210
Ala His	Met Val Ser Ala Tyr	Gln Leu Ala Gln Gly	Asn Trp Met
3215	3220		3225

Pro Thr Ser Cys His Val Phe Met Gly Thr Ile Ser Ala Arg Arg
3230 3235 3240

Thr Lys Thr His Pro Tyr Glu Ala Tyr Val Lys Leu Arg Glu Leu
3245 3250 3255

Val Glu Glu His Lys Met Lys Thr Leu Cys Pro Gly Ser Ser Leu
3260 3265 3270

Gly Lys His Asn Glu Trp Ile Ile Gly Lys Ile Lys Tyr Glu Gly
3275 3280 3285

Asn Leu Arg Thr Lys His Met Leu Asn Pro Gly Lys Val Ala Glu
3290 3295 3300

Glu Leu Cys Arg Glu Gly His Arg Arg Asn Val Tyr Asn Lys Thr
3305 3310 3315

Ile Gly Ser Val Met Thr Ala Thr Gly Ile Arg Leu Glu Lys Leu
3320 3325 3330

Pro Val Val Arg Ala Glu Thr Asp Thr Thr Asn Phe His Glu Ala
3335 3340 3345

Ile Arg Asp Lys Ile Asp Lys Glu Glu Asn Leu Glu Thr Pro Gly
3350 3355 3360

Leu His Lys Lys Leu Met Glu Val Phe Asn Ala Leu Lys Arg Pro
3365 3370 3375

Glu Leu Glu Ser Ser Tyr Asp His Val Glu Trp Glu Glu Leu Glu
3380 3385 3390

Arg Gly Ile Asn Arg Lys Gly His Ala Gly Phe Phe Glu Arg Lys
3395 3400 3405

Asn Ile Gly Glu Ile Leu Asp Ser Glu Lys Asn Lys Val Glu Glu
3410 3415 3420

Ile Ile Asp Asn Leu Lys Lys Gly Arg Asn Ile Lys Tyr Tyr Glu
3425 3430 3435

Thr His Ile Pro Lys Asn Glu Lys Arg Asp Val Asn Asp Asp Trp
3440 3445 3450

Thr	Ser	Gly	Asp	Phe	Val	Asp	Glu	Lys	Lys	Pro	Arg	Val	Ile	Gln
2495						2499						2498		
Tyr	Pro	Glu	Ala	Lys	Thr	Arg	Leu	Ala	Ile	Thr	Lys	Val	Met	Tyr
2479						2475						2480		
Lys	Trp	Val	Lys	Gln	Lys	Pro	Val	Val	Ile	Pro	Gly	Tyr	Gln	Gly
2485						2490						2495		
Lys	Thr	Pro	Leu	Phe	Gln	Ile	Phe	Asp	Lys	Val	Lys	Lys	Gln	Trp
2500						2505						2510		
Arg	Gln	Phe	Gln	Asn	Pro	Val	Ala	Val	Ser	Phe	Asp	Thr	Lys	Ala
2515						2520						2525		
Trp	Arg	Thr	Gln	Val	Thr	Thr	Lys	Arg	Leu	Glu	Leu	Ile	Lys	Asp
2530						2535						2540		
Ile	Gln	Lys	Tyr	Tyr	Phe	Lys	Lys	Lys	Trp	His	Lys	Phe	Ile	Asp
2545						2550						2555		
Thr	Leu	Thr	Met	His	Met	Ser	Glu	Val	Pro	Val	Ile	Ser	Ala	Asp
2560						2565						2570		
Gly	Glu	Val	Tyr	Ile	Arg	Lys	Gly	Gln	Arg	Gly	Ser	Gly	Gln	Pro
2575						2580						2585		
Arg	Thr	Ser	Ala	Gly	Asn	Ser	Met	Leu	Asn	Val	Leu	Thr	Met	Val
2590						2595						2600		
Tyr	Ala	Phe	Cys	Gln	Ala	Thr	Gly	Val	Pro	Tyr	Lys	Ser	Phe	Asp
2605						2610						2615		
Arg	Val	Ala	Lys	Ile	His	Val	Cys	Gly	Arg	Arg	Gly	Phe	Leu	Ile
2620						2625						2630		
Thr	Glu	Arg	Ala	Leu	Gly	Glu	Lys	Phe	Ala	Ser	Lys	Gly	Val	Gln
2635						2640						2645		
Ile	Leu	Tyr	Gln	Ala	Gly	Lys	Pro	Gln	Lys	Ile	Thr	Gln	Gly	Asp
2650						2655						2660		
Lys	Met	Lys	Val	Ala	Tyr	Gln	Phe	Arg	Arg	Ile	Glu	Phe	Cys	Ser
2665						2670						2675		
His	Thr	Pro	Ile	Gln	Val	Arg	Trp	Ser	Arg	Asn	Thr	Ser	Ser	Tyr
2680						2685						2690		

Met Pro Gly Arg Asn Thr Thr Thr Ile Leu Ala Lys Met Ala Thr
3695 3700 3705

Arg Leu Asp Ser Ser Gly Glu Arg Gly Thr Ile Ala Tyr Glu Lys
3710 3715 3720

Ala Val Ala Phe Ser Phe Leu Leu Met Tyr Ser Trp Asn Pro Leu
3725 3730 3735

Ile Arg Arg Ile Cys Leu Leu Val Leu Ser Thr Glu Leu Glu Val
3740 3745 3750

Lys Pro Gly Lys Ser Thr Thr Tyr Tyr Tyr Glu Gly Asp Pro Ile
3755 3760 3765

Ser Ala Tyr Lys Glu Val Ile Gly His Asn Leu Phe Asp Leu Lys
3770 3775 3780

Arg Thr Ser Phe Glu Lys Leu Ala Lys Leu Asn Leu Ser Met Ser
3785 3790 3795

Val Leu Gly Ala Trp Thr Arg His Thr Ser Lys Arg Leu Leu Glu
3800 3805 3810

Arg Cys Val Asn Met Gly Val Lys Glu Gly Asn Trp Leu Val Asn
3815 3820 3825

Ala Asp Arg Leu Val Ser Ser Lys Thr Gly Asn Arg Tyr Ile Pro
3830 3835 3840

Gly Glu Gly His Thr Leu Glu Gly Arg His Tyr Glu Glu Leu Val
3845 3850 3855

Leu Ala Arg Lys Glu Ile Asn Asn Phe Glu Gly Thr Asp Arg Tyr
3860 3865 3870

Asn Leu Gly Pro Ile Val Asn Met Val Leu Arg Arg Leu Arg Val
3875 3880 3885

Met Met Met Thr Leu Ile Gly Arg Gly Val
3890 3895

<210> 55

<211> 3583

<212> BIRDM

<213> Homingpigeon BVDV-1

<400> 55

Met Glu Leu Ile Thr Asn Glu Leu Leu Tyr Lys Thr Tyr Lys Gln Lys
1 5 10 15

Pro Val Gly Val Glu Glu Pro Val Tyr Asp Gln Ala Gly Asp Pro Leu
20 25 30

Phe Gly Glu Arg Gly Ala Val His Pro Gln Ser Thr Leu Lys Leu Pro
35 40 45

His Lys Arg Gly Glu Arg Asp Val Pro Thr Asn Leu Ala Ser Leu Pro
50 55 60

Lys Arg Gly Asp Cys Arg Ser Gly Asn Ser Arg Gly Pro Val Ser Gly
65 70 75 80

Ile Tyr Leu Lys Pro Gly Pro Leu Phe Tyr Gln Asp Tyr Lys Gly Pro
85 90 95

Val Tyr His Arg Ala Pro Leu Glu Leu Phe Glu Glu Gly Ser Met Cys
100 105 110

Gln Thr Thr Lys Arg Ile Gly Arg Val Thr Gly Ser Asp Gly Lys Leu
115 120 125

Tyr His Ile Tyr Val Cys Ile Asp Gly Cys Ile Ile Ile Lys Ser Ala
130 135 140

Thr Arg Ser Tyr Gln Arg Val Phe Arg Trp Val His Asn Arg Leu Asp
145 150 155 160

Cys Pro Leu Trp Val Thr Thr Cys Ser Asp Thr Lys Glu Glu Gly Ala
165 170 175

Thr Lys Lys Lys Thr Gln Lys Pro Asp Arg Leu Glu Arg Gly Lys Met
180 185 190

Lys Ile Val Pro Lys Glu Ser Glu Lys Asp Ser Lys Thr Lys Pro Pro
195 200 205

Asp Ala Thr Ile Val Val Glu Gly Val Lys Tyr Gln Val Arg Lys Lys
210 215 220

Gly Lys Thr Lys Ser Lys Asn Thr Gln Asp Gly Leu Tyr His Asn Lys
225 230 235 240

Asn Lys Pro Gln Gln Ser Arg Lys Lys Leu Glu Lys Ala Leu Leu Ala
 245 250 255
 Trp Ala Ile Ile Ala Ile Val Leu Phe Gln Val Thr Met Gly Glu Asn
 260 265 270
 Ile Thr Gln Trp Asn Leu Gln Asp Asn Gly Thr Glu Gly Ile Gln Arg
 275 280 285
 Ala Met Phe Gln Arg Gly Val Asn Arg Ser Leu His Gly Ile Trp Pro
 290 295 300
 Glu Lys Ile Cys Thr Gly Val Pro Ser His Leu Ala Thr Asp Ile Glu
 305 310 315 320
 Leu Lys Thr Ile His Gly Met Met Arg Ala Ser Glu Lys Thr Asn Tyr
 325 330 335
 Thr Cys Cys Arg Leu Gln Arg His Glu Trp Asn Lys His Gly Trp Cys
 340 345 350
 Asn Trp Tyr Asn Ile Gln Pro Trp Ile Leu Val Met Asn Arg Thr Gln
 355 360 365
 Ala Asn Leu Thr Gln Gly Gln Pro Pro Arg Glu Cys Ala Val Thr Cys
 370 375 380
 Arg Tyr Asp Arg Ala Ser Arg Leu Asn Val Val Thr Gln Ala Arg Asp
 385 390 395 400
 Ser Pro Thr Pro Leu Thr Gly Cys Lys Lys Gly Lys Asn Phe Ser Phe
 405 410 415
 Ala Gly Ile Leu Met Arg Gly Pro Cys Asn Phe Glu Ile Ala Ala Ser
 420 425 430
 Asp Val Leu Phe Lys Gln His Glu Arg Ile Ser Met Phe Gln Arg Thr
 435 440 445
 Thr Leu Tyr Leu Val Asp Gly Leu Thr Asn Ser Leu Gln Gly Ala Arg
 450 455 460
 Gln Gly Thr Ala Lys Leu Thr Thr Trp Leu Gly Lys Gln Leu Gly Ile
 465 470 475 480
 Leu Gly Lys Lys Leu Gln Asn Lys Ser Lys Thr Trp Phe Gly Ala Tyr

485										490										495										
Ala	Ala	Ser	Pro	Tyr	Cys	Asp	Val	Asp	Arg	Lys	Ile	Gly	Tyr	Ile	Trp															
500										505										510										
Tyr	Thr	Lys	Asn	Cys	Thr	Pro	Ala	Cys	Leu	Pro	Lys	Asn	Thr	Lys	Ile															
515										520										525										
Val	Gly	Pro	Gly	Lys	Phe	Gly	Thr	Asn	Ala	Glu	Asp	Gly	Lys	Ile	Leu															
530										535										540										
His	Glu	Met	Gly	Gly	His	Leu	Ser	Glu	Val	Leu	Leu	Leu	Ser	Leu	Val															
545										550										555										
Val	Leu	Ser	Asp	Phe	Ala	Pro	Glu	Thr	Ala	Ser	Val	Met	Tyr	Leu	Ile															
560										570										575										
Leu	His	Phe	Ser	Ile	Pro	Glu	Ser	His	Val	Asp	Val	Met	Asp	Cys	Asp															
580										585										590										
Lys	Thr	Glu	Leu	Asn	Leu	Thr	Val	Glu	Leu	Thr	Thr	Ala	Glu	Val	Ile															
595										600										605										
Pro	Gly	Ser	Val	Trp	Asn	Leu	Gly	Lys	Tyr	Val	Cys	Ile	Arg	Pro	Asn															
610										615										620										
Trp	Trp	Pro	Tyr	Glu	Thr	Thr	Val	Val	Leu	Ala	Phe	Glu	Glu	Val	Ser															
625										630										635										
Glu	Val	Val	Lys	Leu	Val	Leu	Arg	Ala	Leu	Arg	Asp	Leu	Thr	Arg	Ile															
640										650										655										
Trp	Asn	Ala	Ala	Thr	Thr	Thr	Ala	Phe	Leu	Val	Cys	Leu	Val	Lys	Ile															
660										665										670										
Val	Arg	Gly	Glu	Met	Val	Glu	Gly	Ile	Leu	Trp	Leu	Leu	Leu	Ile	Thr															
675										680										685										
Gly	Val	Glu	Gly	His	Leu	Asp	Cys	Lys	Pro	Glu	Phe	Ser	Tyr	Ala	Ile															
690										695										700										
Ala	Lys	Asp	Glu	Arg	Ile	Gly	Glu	Leu	Gly	Ala	Glu	Gly	Leu	Thr	Thr															
705										710										715										
Thr	Trp	Lys	Glu	Tyr	Ser	Pro	Gly	Met	Lys	Leu	Glu	Asp	Thr	Met	Val															
720										725										730										

Ile Ala Trp Cys Glu Asp Gly Lys Leu Met Tyr Leu Glu Arg Cys Thr
 749 748 750
 Arg Glu Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Leu His Thr Arg Ala Leu Pro Thr
 755 760 765
 Ser Val Val Phe Lys Lys Leu Phe Arg Gly Arg Lys Glu Glu Asp Val
 770 775 780
 Val Glu Met Asn Arg Asn Phe Glu Phe Gly Leu Cys Pro Cys Asp Ala
 785 790 795 800
 Lys His Ile Val Arg Gly Lys Phe Asn Thr Thr Leu Leu Asn Gly Pro
 805 810 815
 Ala Phe Glu Met Val Cys Pro Ile Gly Trp Thr Gly Thr Val Ser Cys
 820 825 830
 Thr Ser Phe Asn Met Arg Thr Leu Ala Thr Thr Val Val Arg Thr Tyr
 835 840 845
 Arg Arg Ser Lys Pro Phe Pro His Arg Glu Gly Cys Ile Thr Glu Lys
 850 855 860
 Asn Leu Gly Glu Arg Leu His Asn Cys Ile Leu Gly Gly Asn Trp Thr
 865 870 875 880
 Cys Val Pro Gly Arg Glu Leu Leu Tyr Lys Gly Gly Ser Ile Glu Ser
 885 890 895
 Cys Lys Trp Cys Gly Tyr Glu Phe Lys Glu Ser Glu Gly Leu Pro His
 900 905 910
 Tyr His Ile Gly Lys Cys Lys Leu Glu Asn Glu Thr Gly Tyr Arg Leu
 915 920 925
 Val Arg Ser Thr Ser Cys Asn Arg Glu Gly Val Ala Ile Val Pro Glu
 930 935 940
 Gly Thr Leu Lys Cys Lys Ile Gly Lys Thr Thr Val Glu Val Ile Ala
 945 950 955 960
 Met Arg Thr Lys Leu Gly Pro Met Pro Cys Arg Pro Tyr Glu Ile Ile
 965 970 975
 Ser Ser Glu Gly Pro Val Glu Lys Thr Ala Cys Thr Phe Asn Tyr Thr

880										885										890																	
Lys	Thr	Leu	Lys	Asn	Lys	Tyr	Phe	Gln	Pro	Arg	Asp	Ser	Tyr	Phe	Gln																						
995										1000										1005																	
Gln	Tyr	Met	Leu	Lys	Gly	Gln	Tyr	Gln	Tyr	Trp	Phe	Asp	Leu	Gln																							
1010										1015										1020																	
Val	Thr	Asp	His	His	Arg	Asp	Tyr	Phe	Ala	Gln	Ser	Ile	Leu	Val																							
1025										1030										1035																	
Val	Val	Val	Ala	Leu	Leu	Gly	Gly	Arg	Tyr	Val	Leu	Trp	Leu	Leu																							
1040										1045										1050																	
Val	Thr	Tyr	Met	Val	Leu	Ser	Gln	Gln	Lys	Ala	Leu	Gly	Ile	Gln																							
1055										1060										1065																	
Tyr	Gly	Ser	Gly	Gln	Val	Val	Met	Met	Gly	Asn	Leu	Leu	Thr	His																							
1070										1075										1080																	
Asn	Asn	Ile	Gln	Val	Val	Thr	Tyr	Phe	Leu	Leu	Leu	Tyr	Leu	Leu																							
1085										1090										1095																	
Leu	Arg	Gln	Gln	Ser	Val	Lys	Lys	Trp	Val	Leu	Leu	Leu	Tyr	His																							
1100										1105										1110																	
Ile	Leu	Val	Val	His	Pro	His	Lys	Ser	Val	Ile	Val	Ile	Leu	Leu																							
1115										1120										1125																	
Met	Ile	Gly	Asp	Val	Val	Lys	Ala	Asp	Ser	Gly	Gly	Gln	Gln	Tyr																							
1130										1135										1140																	
Leu	Gly	Lys	Ile	Asp	Leu	Cys	Phe	Thr	Thr	Val	Val	Leu	Ile	Val																							
1145										1150										1155																	
Ile	Gly	Leu	Ile	Ile	Ala	Arg	Arg	Asp	Pro	Thr	Ile	Val	Pro	Leu																							
1160										1165										1170																	
Val	Thr	Ile	Met	Ala	Ala	Leu	Arg	Val	Thr	Gln	Leu	Thr	His	Gln																							
1175										1180										1185																	
Pro	Gly	Val	Asp	Ile	Ala	Val	Ala	Val	Met	Thr	Ile	Thr	Leu	Leu																							
1190										1195										1200																	
Met	Val	Ser	Tyr	Val	Thr	Asp	Tyr	Phe	Arg	Tyr	Lys	Lys	Trp	Leu																							
1205										1210										1215																	

Gln Cys	Ile Leu Ser	Leu Val	Ser Ala Val	Phe Leu	Ile Arg Ser
1325		1335		1330	
Leu Ile	Tyr Leu Gly Arg	Ile	Glu Met Pro	Glu Val	Thr Ile Pro
1335		1340		1345	
Asn Trp	Arg Pro Leu Thr	Leu	Ile Leu Leu Tyr	Leu	Ile Ser Thr
1350		1355		1360	
Thr Ile	Val Thr Arg Trp	Lys	Val Arg Val	Ala Gly	Leu Leu Leu
1365		1370		1375	
Gln Cys	Val Pro Ile Leu	Leu	Leu Val Thr Thr	Leu	Trp Ala Arg
1380		1385		1390	
Phe Leu	Thr Leu Ile Leu	Ile	Leu Pro Thr Tyr	Glu	Leu Val Lys
1395		1400		1405	
Leu Tyr	Tyr Leu Lys Thr	Val	Arg Thr Asp Thr	Glu	Arg Ser Trp
1410		1415		1420	
Leu Gly	Gly Ile Asp Tyr	Thr	Arg Val Asp Ser	Ile	Tyr Arg Val
1425		1430		1435	
Asp Glu	Ser Gly Glu Gly	Val	Tyr Leu Phe Pro	Ser	Arg Gln Lys
1440		1445		1450	
Ala Gln	Gly Asn Phe Ser	Ile	Leu Leu Pro Leu	Ile	Lys Ala Thr
1455		1460		1465	
Leu Ile	Ser Cys Val Ser	Ser	Lys Trp Gln Leu	Ile	Tyr Met Ser
1470		1475		1480	
Tyr Leu	Thr Leu Asp Phe	Met	Tyr Tyr Met His	Arg	Lys Val Ile
1485		1490		1495	
Glu Glu	Ile Ser Gly Gly	Thr	Asn Ile Ile Ser	Arg	Leu Val Ala
1500		1505		1510	
Ala Leu	Ile Glu Leu Asn	Trp	Ser Met Glu Glu	Glu	Glu Ser Lys
1515		1520		1525	
Gly Leu	Lys Lys Phe Tyr	Leu	Leu Ser Gly Arg	Leu	Arg Asn Leu
1530		1535		1540	
Ile Ile	Lys His Lys Val	Arg	Asn Glu Thr Val	Ala	Ser Trp Tyr

1445	1450	1455
Gly Glu Glu Glu Val Tyr Gly Met Pro Lys Ile Met Thr Ile Ile 1460	1465	1470
Lys Ala Ser Thr Leu Ser Lys Ser Arg His Cys Ile Ile Cys Thr 1475	1480	1485
Val Cys Glu Gly Arg Glu Trp Lys Gly Gly Thr Cys Pro Lys Cys 1490	1495	1500
Gly Arg His Gly Lys Pro Ile Thr Cys Gly Met Ser Leu Ala Arg 1505	1510	1515
Phe Glu Glu Arg His Tyr Lys Arg Ile Phe Ile Arg Glu Gly Asn 1520	1525	1530
Phe Glu Gly Met Cys Ser Arg Cys Glu Gly Lys His Arg Arg Phe 1535	1540	1545
Glu Met Asp Arg Glu Pro Lys Ser Ala Arg Tyr Cys Ala Glu Cys 1550	1555	1560
Asn Arg Leu His Pro Ala Glu Glu Gly Asp Phe Trp Ala Glu Ser 1565	1570	1575
Ser Met Leu Gly Leu Lys Ile Thr Tyr Phe Ala Leu Met Arg Gly 1580	1585	1590
Lys Val Tyr Asp Ile Thr Glu Trp Ala Gly Cys Glu Arg Val Gly 1595	1600	1605
Ile Ser Pro Asp Thr His Arg Val Pro Cys His Ile Ser Phe Gly 1610	1615	1620
Ser Arg Met Pro Phe Arg Glu Glu Tyr Asn Gly Phe Val Glu Tyr 1625	1630	1635
Thr Ala Arg Gly Glu Leu Phe Leu Arg Asn Leu Pro Val Leu Ala 1640	1645	1650
Thr Lys Val Lys Met Leu Met Val Gly Asn Leu Gly Glu Glu Ile 1655	1660	1665
Gly Asn Leu Glu His Leu Gly Trp Ile Leu Arg Gly Pro Ala Val 1670	1675	1680

Cys Lys Lys Ile Thr Glu His Glu Lys Cys His Ile Asn Ile Leu
 1688 1690
 Asp Lys Leu Thr Ala Phe Phe Gly Ile Met Pro Arg Gly Thr Thr
 1700 1708
 Pro Arg Ala Pro Val Arg Phe Pro Thr Ser Leu Leu Lys Val Arg
 1715 1725
 Arg Gly Leu Glu Thr Ala Trp Ala Tyr Thr His Gln Gly Gly Ile
 1730 1740
 Ser Ser Val Asp His Val Thr Ala Gly Lys Arg Leu Leu Val Cys
 1745 1755
 Arg Ser Met Gly Arg Thr Arg Val Val Cys Gln Ser Asn Asn Arg
 1760 1770
 Leu Thr Asp Glu Thr Glu Tyr Gly Val Lys Thr Arg Ser Gly Cys
 1775 1785
 Pro Asp Gly Ala Arg Cys Tyr Val Leu Asn Pro Glu Ala Val Asn
 1790 1800
 Ile Ser Gly Ser Lys Gly Ala Val Val His Leu Gln Lys Thr Gly
 1805 1815
 Gly Glu Phe Thr Cys Val Thr Ala Ser Gly Thr Pro Ala Phe Phe
 1820 1830
 Arg Leu Lys Asn Leu Lys Gly Trp Ser Gly Leu Pro Ile Phe Glu
 1835 1845
 Ala Ser Ser Gly Arg Val Val Gly Arg Val Lys Val Gly Lys Asn
 1850 1860
 Glu Glu Ser Lys Pro Thr Lys Ile Met Ser Gly Ile Gln Thr Val
 1865 1875
 Ser Lys Asn Arg Ala Asp Leu Thr Glu Met Val Lys Lys Ile Thr
 1880 1890
 Ser Met Asn Arg Gly Asp Phe Lys Gln Ile Thr Leu Ala Thr Gly
 1895 1905
 Ala Gly Lys Thr Thr Glu Leu Pro Lys Ala Val Ile Glu Glu Ile

1810	1915	1920
Gly Arg His Lys Arg Val Leu Val Leu Ile Pro Leu Arg Ala Ala 1925	1930	1935
Ala Glu Ser Val Tyr Glu Tyr Met Arg Leu Lys His Pro Ser Ile 1940	1945	1950
Ser Phe Asn Leu Arg Ile Gly Asp Met Lys Glu Gly Asp Met Ala 1955	1960	1965
Thr Gly Ile Thr Tyr Ala Ser Tyr Gly Tyr Phe Cys Gln Met Pro 1970	1975	1980
Gln Pro Lys Leu Arg Ala Ala Met Val Glu Tyr Ser Tyr Ile Phe 1985	1990	1995
Leu Asp Glu Tyr His Cys Ala Thr Pro Glu Glu Leu Ala Ile Ile 2000	2005	2010
Gly Lys Ile His Arg Phe Ser Glu Ser Ile Arg Val Val Ala Met 2015	2020	2025
Thr Ala Thr Pro Ala Gly Ser Val Thr Thr Thr Gly Gln Lys His 2030	2035	2040
Pro Ile Glu Glu Phe Ile Ala Pro Glu Val Met Lys Gly Glu Asp 2045	2050	2055
Leu Gly Ser Glu Phe Leu Asp Ile Ala Gly Leu Lys Ile Pro Val 2060	2065	2070
Asp Glu Met Lys Gly Asn Met Leu Val Phe Val Pro Thr Arg Asn 2075	2080	2085
Met Ala Val Glu Val Ala Lys Lys Leu Lys Ala Lys Gly Tyr Asn 2090	2095	2100
Ser Gly Tyr Tyr Tyr Ser Gly Glu Asp Pro Ala Asn Leu Arg Val 2105	2110	2115
Val Thr Ser Glu Ser Pro Tyr Val Ile Val Ala Thr Asn Ala Ile 2120	2125	2130
Glu Ser Gly Val Thr Leu Pro Asp Leu Asp Thr Val Ile Asp Thr 2135	2140	2145

Gly	Leu	Lys	Cys	Glu	Lys	Arg	Val	Arg	Val	Ser	Ser	Lys	Ile	Pro
2160						2165					2168			
Phe	Ile	Val	Thr	Gly	Leu	Lys	Arg	Met	Ala	Val	Thr	Val	Gly	Glu
2166						2170					2175			
Gln	Ala	Glu	Arg	Arg	Gly	Arg	Val	Gly	Arg	Val	Lys	Pro	Gly	Arg
2180						2185					2190			
Tyr	Tyr	Arg	Ser	Gln	Glu	Thr	Ala	Thr	Gly	Ser	Lys	Asp	Tyr	His
2193						2200					2205			
Tyr	Asp	Leu	Leu	Gln	Ala	Gln	Arg	Tyr	Gly	Ile	Glu	Asp	Gly	Ile
2210						2215					2220			
Asn	Val	Thr	Lys	Ser	Phe	Arg	Glu	Met	Asn	Tyr	Asp	Tyr	Ser	Leu
2225						2230					2235			
Tyr	Glu	Glu	Arg	Ser	Leu	Leu	Ile	Thr	Gln	Leu	Glu	Ile	Leu	Asn
2240						2245					2250			
Asn	Leu	Leu	Ile	Ser	Glu	Arg	Leu	Pro	Ala	Ala	Val	Lys	Asn	Ile
2255						2260					2265			
Met	Ala	Arg	Thr	Arg	His	Pro	Glu	Pro	Ile	Gln	Leu	Ala	Tyr	Asn
2270						2275					2280			
Ser	Tyr	Glu	Val	Gln	Val	Pro	Val	Leu	Phe	Pro	Lys	Ile	Arg	Asn
2285						2290					2295			
Gly	Glu	Val	Thr	Arg	Thr	Tyr	Glu	Asn	Tyr	Ser	Phe	Leu	Asn	Ala
2300						2305					2310			
Arg	Lys	Leu	Gly	Glu	Arg	Val	Pro	Val	Tyr	Ile	Tyr	Ala	Thr	Glu
2315						2320					2325			
Asp	Glu	Asp	Leu	Ala	Val	Arg	Leu	Leu	Gly	Leu	Asp	Tyr	Pro	Arg
2330						2335					2340			
Pro	Gly	Asn	Gln	Gln	Val	Val	Glu	Thr	Gly	Lys	Ala	Leu	Lys	Gln
2345						2350					2355			
Val	Thr	Gly	Leu	Ser	Ser	Ala	Glu	Asn	Ala	Leu	Leu	Val	Ala	Leu
2360						2365					2370			
Phe	Gly	Tyr	Val	Gly	Tyr	Gln	Ala	Leu	Ser	Lys	Arg	His	Val	Pro

2375	2380	2385
Met Ile Thr Asp Ile Tyr Thr	Ile Glu Arg Gln Arg	Leu Glu Asp
2380	2385	2390
Thr Thr His Leu Glu Tyr Ala	Pro Asn Ala Ile Lys	Thr Asp Gly
2395	2400	2405
Thr Glu Thr Glu Leu Lys Glu	Leu Ala Ser Gly Asp	Val Glu Lys
2410	2415	2420
Ile Met Gly Ala Ile Ser Asp	Tyr Ala Ala Gly Gly	Leu Glu Phe
2425	2430	2435
Val Lys Ser Glu Ala Glu Lys	Ile Lys Thr Ala Pro	Leu Phe Lys
2440	2445	2450
Glu Asn Ala Glu Ala Ala Lys	Gly Tyr Val Glu Lys	Phe Ile Asp
2455	2460	2465
Ser Leu Ile Glu Asn Lys Glu	Glu Ile Ile Arg Tyr	Gly Leu Trp
2470	2475	2480
Gly Thr His Thr Ala Leu Tyr	Lys Ser Ile Ala Ala	Arg Leu Gly
2485	2490	2495
His Glu Thr Ala Phe Ala Thr	Leu Val Leu Lys Trp	Leu Ala Phe
2500	2505	2510
Gly Gly Glu Ser Val Ser Asp	His Val Lys Glu Ala	Ala Val Asp
2515	2520	2525
Leu Val Val Tyr Tyr Val Met	Asn Lys Pro Ser Phe	Pro Gly Asp
2530	2535	2540
Ser Glu Thr Glu Glu Glu Gly	Arg Arg Phe Val Ala	Ser Leu Phe
2545	2550	2555
Ile Ser Ala Leu Ala Thr Tyr	Thr Tyr Lys Thr Trp	Asn Tyr His
2560	2565	2570
Asn Leu Ser Lys Val Val Glu	Pro Ala Leu Ala Tyr	Leu Pro Tyr
2575	2580	2585
Ala Thr Ser Ala Leu Lys Met	Phe Thr Pro Thr Arg	Leu Glu Ser
2590	2595	2600

Val	Val	Ile	Leu	Ser	Thr	Thr	Ile	Tyr	Lys	Thr	Tyr	Leu	Ser	Ile
2615						2620					2625			
Arg	Lys	Gly	Lys	Ser	Arg	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Gly	Ile	Ser	Ala
2630						2635					2640			
Ala	Met	Glu	Ile	Leu	Ser	Gln	Asn	Pro	Val	Ser	Val	Gly	Ile	Ser
2645						2650					2655			
Val	Met	Leu	Gly	Val	Gly	Ala	Ile	Ala	Ala	His	Asn	Ala	Ile	Glu
2660						2665					2670			
Ser	Ser	Glu	Gln	Lys	Arg	Thr	Leu	Leu	Met	Lys	Val	Phe	Val	Lys
2675						2680					2685			
Asn	Phe	Leu	Arg	Gln	Ala	Ala	Thr	Arg	Gln	Leu	Val	Lys	Glu	Asn
2690						2695					2700			
Pro	Glu	Lys	Ile	Ile	Met	Ala	Leu	Phe	Gln	Ala	Val	Gln	Thr	Ile
2705						2710					2715			
Gly	Asn	Pro	Leu	Arg	Leu	Ile	Tyr	His	Leu	Tyr	Gly	Val	Tyr	Tyr
2720						2725					2730			
Lys	Gly	Arg	Glu	Ala	Lys	Glu	Leu	Ser	Glu	Arg	Thr	Ala	Gly	Arg
2735						2740					2745			
Asn	Leu	Phe	Thr	Leu	Ile	Met	Phe	Glu	Ala	Phe	Glu	Leu	Leu	Gly
2750						2755					2760			
Met	Arg	Ser	Gln	Gly	Lys	Ile	Arg	Asn	Leu	Ser	Gly	Asn	Tyr	Ile
2765						2770					2775			
Leu	Arg	Leu	Ile	Tyr	Gly	Leu	His	Lys	Gln	Ile	Asn	Arg	Gly	Leu
2780						2785					2790			
Lys	Lys	Met	Val	Leu	Gly	Trp	Ala	Pro	Ala	Pro	Phe	Ser	Cys	Arg
2795						2800					2805			
Trp	Thr	Pro	Ser	Arg	Glu	Arg	Ile	Arg	Leu	Pro	Thr	Arg	Asn	Tyr
2810						2815					2820			
Leu	Arg	Val	Glu	Thr	Arg	Cys	Pro	Cys	Gly	Tyr	Glu	Met	Lys	Ala
2825						2830					2835			
Phe	Lys	Asn	Val	Gly	Gly	Lys	Leu	Thr	Lys	Val	Glu	Glu	Ser	Gly

2840	2845	2850
Pro Phe Leu Cys Arg Asn Arg	Pro Gly Arg Gly	Pro Val Asn Tyr
2855	2860	2865
Arg Val Thr Lys Tyr Tyr Asp	Arg Asn Leu Arg Glu	Ile Lys Pro
2870	2875	2880
Val Ala Lys Leu Glu Gly Glu	Val Glu His Tyr Tyr	Lys Gly Val
2885	2890	2895
Thr Ala Lys Ile Asp Tyr Ser	Lys Gly Lys Met Leu	Leu Ala Thr
2900	2905	2910
Arg Lys Trp Glu Val Glu His	Gly Val Ile Thr Arg	Leu Ala Lys
2915	2920	2925
Arg Tyr Thr Gly Val Gly Phe	Asn Gly Ala Tyr Leu	Gly Asp Glu
2930	2935	2940
Pro Asn His Arg Ala Leu Val	Glu Arg Asp Cys Ala	Thr Ile Thr
2945	2950	2955
Lys Asn Thr Val Glu Phe Leu	Lys Met Lys Lys Gly	Cys Ala Phe
2960	2965	2970
Thr Tyr Asp Leu Thr Ile Ser	Asn Leu Thr Arg Leu	Ile Glu Leu
2975	2980	2985
Val His Arg Asn Asn Leu Glu	Glu Lys Glu Ile Pro	Thr Ala Thr
2990	2995	3000
Val Thr Thr Trp Leu Ala Tyr	Thr Phe Val Asn Glu	Arg Val Gly
3005	3010	3015
Thr Ile Lys Pro Val Leu Gly	Glu Arg Val Ile Pro	Arg Pro Val
3020	3025	3030
Val Arg Ile Asn Leu Glu Pro	Glu Val Glu Val Asp	Thr Ser Glu
3035	3040	3045
Val Gly Ile Thr Ile Ile Gly	Arg Glu Thr Leu Met	Thr Thr Gly
3050	3055	3060
Val Thr Pro Val Leu Glu Lys	Val Glu Pro Asp Ala	Ser Asp Asn
3065	3070	3075

Gln Asn	Ser Val	Lys Ile	Gly	Leu Asp	Glu Gly	Asn	Tyr	Pro	Gly
3080			3085			3090			
Pro Gly	Ile Gln	Thr His	Thr	Leu Thr	Glu Glu	Ile	His	Asn	Arg
3095			3100			3105			
Asp Ala	Arg Pro	Phe Ile	Met	Ile Leu	Gly Ser	Arg	Asn	Ser	Ile
3110			3115			3120			
Ser Asn	Arg Ala	Lys Thr	Ala	Arg Asn	Ile Asn	Leu	Tyr	Thr	Gly
3125			3130			3135			
Asn Asp	Pro Arg	Glu Ile	Arg	Asp Leu	Met Ala	Ala	Gly	Arg	Met
3140			3145			3150			
Leu Val	Val Ala	Leu Arg	Asp	Val Asp	Pro Glu	Leu	Ser	Glu	Met
3155			3160			3165			
Val Asp	Phe Lys	Gly Thr	Phe	Leu Asp	Arg Glu	Ala	Leu	Glu	Ala
3170			3175			3180			
Leu Ser	Leu Gly	Gln Pro	Lys	Pro Lys	Gln Val	Thr	Lys	Glu	Ala
3185			3190			3195			
Val Arg	Asn Leu	Ile Glu	Gln	Lys Lys	Asp Val	Glu	Ile	Pro	Asn
3200			3205			3210			
Trp Phe	Ala Ser	Arg Arg	Pro	Val Phe	Leu Glu	Val	Ala	Leu	Lys
3215			3220			3225			
Asn Asp	Lys Tyr	Tyr Leu	Val	Gly Asp	Val Gly	Glu	Leu	Lys	Asp
3230			3235			3240			
Gln Ala	Lys Ala	Leu Gly	Ala	Thr Asp	Gln Thr	Arg	Ile	Ile	Lys
3245			3250			3255			
Glu Val	Gly Ser	Arg Thr	Tyr	Ala Met	Lys Leu	Ser	Ser	Trp	Phe
3260			3265			3270			
Leu Lys	Ala Ser	Asn Lys	Gln	Met Ser	Leu Thr	Pro	Leu	Phe	Glu
3275			3280			3285			
Gln Leu	Leu Leu	Arg Cys	Pro	Pro Ala	Thr Lys	Ser	Asn	Lys	Gly
3290			3295			3300			
His Met	Ala Ser	Ala Tyr	Gln	Leu Ala	Gln Gly	Asn	Trp	Glu	Pro

3335	3310	3315
Leu Gly Gys Gly Val His	Leu Gly Thr Ile Pro Ala	Arg Arg Val
3325	3325	3335
Lys Ile His Pro Tyr Glu	Ala Tyr Leu Lys Leu Lys	Arg Phe Ile
3335	3340	3345
Glu Glu Glu Glu Lys Lys	Pro Arg Val Lys Arg Thr	Val Ile Arg
3350	3355	3360
Glu His Asn Lys Trp Ile	Leu Lys Lys Ile Arg Phe	Gln Gly Asn
3365	3370	3375
Leu Asn Thr Lys Lys Met	Leu Asn Pro Gly Lys Leu	Ser Glu Gln
3380	3385	3390
Leu Asp Arg Glu Gly Arg	Lys Arg Asn Ile Tyr Asn	His Gln Ile
3395	3400	3405
Gly Thr Ile Met Ser Ser	Ala Gly Ile Arg Leu Glu	Lys Leu Pro
3410	3415	3420
Ile Val Arg Ala Glu Thr	Asp Thr Lys Thr Phe His	Gln Ala Ile
3425	3430	3435
Arg Arg Lys Ile Asp Lys	Ser Glu Asn Arg Glu Asn	Pro Glu Leu
3440	3445	3450
His Asn Lys Leu Leu Glu	Ile Phe His Thr Ile Ala	Gln Pro Thr
3455	3460	3465
Leu Lys His Thr Tyr Gly	Glu Val Thr Trp Glu Gln	Leu Glu Ala
3470	3475	3480
Gly Val Asn Arg Lys Gly	Ala Ala Gly Phe Leu Glu	Lys Lys Asn
3485	3490	3495
Ile Gly Glu Val Leu Asp	Ser Glu Lys His Leu Val	Glu Gln Leu
3500	3505	3510
Val Arg Arg Leu Lys Ala	Gly Arg Lys Ile Lys Tyr	Tyr Glu Thr
3515	3520	3525
Ala Ile Pro Lys Asn Glu	Lys Arg Asp Val Ser Asp	Arg Trp Gln
3530	3535	3540

Ala Gly Asp Leu Val Val Glu Lys Arg Pro Arg Val Ile Glu Tyr
 3545 3550 3555
 Pro Glu Ala Lys Thr Arg Leu Ala Ile Thr Lys Val Met Tyr Asn
 3560 3565 3570
 Trp Val Lys Glu Glu Pro Val Val Ile Pro Gly Tyr Glu Gly Lys
 3575 3580 3585
 Thr Pro Leu Phe Asn Ile Phe Asp Lys Val Arg Lys Glu Trp Asp
 3590 3595 3600
 Ser Phe Asn Glu Pro Val Ala Val Ser Phe Asp Thr Lys Ala Trp
 3605 3610 3615
 Arg Thr Glu Val Thr Ser Lys Asp Leu Glu Leu Ile Gly Glu Ile
 3620 3625 3630
 Glu Lys Tyr Tyr Tyr Lys Lys Glu Trp His Lys Phe Ile Asp Thr
 3635 3640 3645
 Ile Thr Asp His Met Thr Glu Val Pro Val Ile Thr Ala Asp Gly
 3650 3655 3660
 Glu Val Tyr Ile Arg Asn Gly Glu Arg Gly Ser Gly Glu Pro Asp
 3665 3670 3675
 Thr Ser Ala Gly Asn Ser Met Leu Asn Val Leu Thr Met Met Tyr
 3680 3685 3690
 Gly Phe Cys Glu Ser Thr Gly Val Pro Tyr Lys Ser Phe Asn Arg
 3695 3700 3705
 Val Ala Arg Ile His Val Cys Gly Asp Asp Gly Phe Leu Ile Thr
 3710 3715 3720
 Glu Lys Gly Leu Gly Leu Lys Phe Ala Asn Lys Gly Met Glu Ile
 3725 3730 3735
 Leu His Glu Ala Gly Lys Pro Glu Lys Ile Thr Glu Gly Glu Lys
 3740 3745 3750
 Met Lys Val Ala Tyr Arg Phe Glu Asp Ile Glu Phe Cys Ser His
 3755 3760 3765
 Thr Pro Val Pro Val Arg Trp Ser Asp Asn Thr Ser Ser His Met

```

2772                               2775                               2780
Ala Gly Arg Asp Thr Ala Val Ile Leu Ser Lys Met Ala Thr Arg
2785                               2790                               2795

Leu Asp Ser Ser Gly Glu Arg Gly Thr Thr Ala Tyr Glu Lys Ala
2800                               2805                               2810

Val Ala Phe Ser Phe Leu Leu Met Tyr Ser Trp Asn Pro Leu Val
2815                               2820                               2825

Arg Arg Ile Cys Leu Leu Val Leu Ser Glu Glu Pro Glu Thr Asp
2830                               2835                               2840

Pro Ser Lys His Ala Thr Tyr Tyr Tyr Lys Gly Asp Pro Ile Gly
2845                               2850                               2855

Ala Tyr Lys Asp Val Ile Gly Arg Asn Leu Ser Glu Leu Lys Arg
2860                               2865                               2870

Thr Gly Phe Glu Lys Leu Ala Asn Leu Asn Leu Ser Leu Ser Thr
2875                               2880                               2885

Leu Gly Val Trp Thr Lys His Thr Ser Lys Arg Ile Ile Glu Asp
2890                               2895                               2900

Cys Val Ala Ile Gly Lys Glu Glu Gly Asn Trp Leu Val Lys Pro
2905                               2910                               2915

Asp Arg Leu Ile Ser Ser Lys Thr Gly His Leu Tyr Ile Pro Asp
2920                               2925                               2930

Lys Gly Phe Thr Leu Glu Gly Lys His Tyr Glu Glu Leu Glu Leu
2935                               2940                               2945

Arg Thr Glu Thr Asn Pro Val Met Gly Val Gly Thr Glu Arg Tyr
2950                               2955                               2960

Lys Leu Gly Pro Ile Val Asn Leu Leu Leu Arg Arg Leu Lys Ile
2965                               2970                               2975

Leu Leu Met Thr Ala Val Gly Val Ser Ser
2980                               2985

<210> 56
<211> 2973
<212> EIROK

```


<213> Homingporeis BVDV-2

<400> 56

Met Glu Leu Phe Ser Asn Glu Leu Leu Tyr Lys Thr Tyr Lys Glu Lys
1 3 10 15

Pro Ala Gly Val Val Glu Pro Val Tyr Asp Val Asn Gly Arg Pro Leu
20 25 30

Phe Gly Glu Ser Ser Asp Leu His Pro Gln Ser Thr Leu Lys Leu Pro
35 40 45

His Gln Arg Gly Ser Ala Asn Ile Leu Thr Asn Ala Arg Ser Leu Pro
50 55 60

Arg Lys Gly Asp Cys Arg Arg Gly Asn Val Asn Gly Ala Val Ser Gly
65 70 75 80

Ile Tyr Ile Lys Pro Gly Pro Ile Tyr Tyr Gln Asp Tyr Met Gly Pro
85 90 95

Val Tyr His Arg Ala Pro Leu Glu Leu Cys Arg Gln Ala Ser Met Cys
100 105 110

Glu Thr Thr Arg Arg Ile Gly Arg Val Thr Gly Ser Asp Gly Lys Leu
115 120 125

Tyr His Ile Tyr Ile Cys Ile Asp Gly Cys Val Leu Leu Lys Arg Ala
130 135 140

Thr Arg Thr Gln Pro Gln Val Leu Lys Trp Val Tyr Asn Arg Leu Asn
145 150 155 160

Cys Pro Leu Trp Val Thr Ser Cys Ser Asp Gln Gly Ser Lys Gly Ala
165 170 175

Thr Ser Lys Lys Gln Pro Lys Pro Asp Arg Ile Gln Lys Gly Lys Met
180 185 190

Lys Ile Ala Pro Lys Gln Ser Glu Lys Asp Cys Lys Thr Arg Pro Pro
195 200 205

Asp Ala Thr Ile Val Val Glu Gly Val Lys Tyr Gln Val Lys Lys Lys
210 215 220

Gly Lys Val Arg Gly Lys Asn Thr Gln Asp Gly Leu Tyr His Asn Lys
225 230 235 240

Asn Lys Pro Pro Glu Ser Arg Lys Lys Leu Glu Lys Ala Leu Leu Ala
 248 250 255
 Trp Ala Ile Leu Ala Ala Val Leu Leu Glu Leu Val Thr Gly Glu Asn
 260 265 270
 Ile Thr Glu Trp Asn Leu Met Asp Asn Gly Thr Glu Gly Ile Glu Glu
 275 280 285
 Ala Met Phe Leu Arg Gly Val Asn Arg Ser Leu His Gly Ile Trp Pro
 290 295 300
 Glu Lys Ile Cys Thr Gly Val Pro Thr His Leu Ala Thr Asp Tyr Glu
 305 310 315 320
 Leu Arg Glu Ile Val Gly Met Met Asp Ala Ser Glu Lys Thr Asn Tyr
 325 330 335
 Thr Cys Cys Arg Leu Glu Arg His Glu Trp Asn Lys His Gly Trp Cys
 340 345 350
 Asn Trp Phe His Ile Glu Pro Trp Ile Trp Leu Met Asn Lys Thr Glu
 355 360 365
 Asn Asn Leu Thr Glu Gly Glu Pro Pro Lys Glu Cys Ala Val Thr Cys
 370 375 380
 Arg Tyr Asp Lys Glu Ala Glu Leu Asn Ile Val Thr Glu Ala Arg Asp
 385 390 395 400
 Arg Pro Thr Thr Leu Thr Gly Cys Lys Lys Gly Lys Asn Phe Ser Phe
 405 410 415
 Ala Gly Val Ile Leu Asp Gly Pro Cys Asn Phe Lys Val Ser Val Glu
 420 425 430
 Asp Val Leu Phe Lys Glu His Asp Cys Gly Asn Met Leu Glu Glu Thr
 435 440 445
 Ala Ile Glu Leu Leu Asp Gly Ala Thr Asn Thr Ile Glu Gly Ala Arg
 450 455 460
 Val Gly Thr Ala Lys Leu Thr Thr Trp Leu Gly Lys Glu Leu Gly Ile
 465 470 475 480

Leu Gly Lys Lys Leu Glu Asn Lys Thr Lys Ala Trp Phe Gly Ala His
 488 490 495
 Ala Ala Ser Pro Tyr Cys Gly Val Glu Arg Lys Ile Gly Tyr Val Trp
 500 505 510
 Tyr Thr Lys Asn Cys Thr Pro Ala Cys Leu Pro Arg Asn Thr Lys Ile
 515 520 525
 Ile Gly Pro Gly Lys Phe Asp Thr Asn Ala Glu Asp Gly Lys Ile Leu
 530 535 540
 His Glu Met Gly Gly His Leu Ser Glu Phe Ala Leu Leu Ser Leu Val
 545 550 555 560
 Val Leu Ser Arg Phe Ala Pro Glu Thr Ala Ser Val Ile Tyr Leu Val
 565 570 575
 Leu His Phe Ala Ile Pro Gln Ser His Val Arg Val Arg Thr Cys Asp
 580 585 590
 Lys Asn Gln Leu Asn Leu Thr Val Ala Thr Thr Val Ala Glu Val Ile
 595 600 605
 Pro Gly Thr Val Trp Asn Leu Gly Lys Tyr Val Cys Ile Arg Pro Asp
 610 615 620
 Trp Trp Pro Tyr Glu Thr Thr Thr Val Phe Val Leu Glu Glu Ala Gly
 625 630 635 640
 Glu Val Ile Lys Leu Gly Leu Arg Ala Ile Arg Asp Leu Thr Arg Ile
 645 650 655
 Trp Asn Ala Ala Thr Thr Thr Ala Phe Leu Ile Phe Leu Val Lys Ala
 660 665 670
 Leu Arg Gly Gln Leu Ile Gln Gly Leu Leu Trp Leu Met Leu Ile Thr
 675 680 685
 Gly Ala Gln Gly Phe Pro Glu Cys Lys Glu Gly Phe Gln Tyr Ala Ile
 690 695 700
 Ser Lys Asp Arg Lys Met Gly Leu Leu Gly Pro Glu Ser Leu Thr Thr
 705 710 715 720
 Thr Trp His Arg Pro Thr Lys Lys Leu Val Asp Ser Met Val Gln Val
 725 730 735

Trp Cys Glu Gly Lys Asp Leu Lys Ile Leu Lys Thr Cys Pro Lys Glu
 740 745 750
 Glu Arg Tyr Leu Val Ala Val His Glu Arg Ala Leu Ser Thr Ser Ala
 755 760 765
 Glu Phe Met Pro Ile Ser Asp Gly Thr Ile Gly Pro Asp Val Ile Asp
 770 775 780
 Met Pro Asp Asp Phe Glu Phe Gly Leu Cys Pro Cys Asp Ala Lys Pro
 785 790 795 800
 Val Ile Lys Gly Lys Phe Asn Ala Ser Leu Leu Asn Gly Pro Ala Phe
 805 810 815
 Glu Met Val Cys Pro Glu Gly Asp Thr Gly Thr Ile Glu Cys Thr Leu
 820 825 830
 Ala Asn Glu Asp Thr Leu Asp Thr Thr Val Val Arg Thr Tyr Arg Arg
 835 840 845
 Thr Thr Pro Phe Glu Arg Arg Lys Trp Cys Ser Tyr Glu Lys Ile Ile
 850 855 860
 Gly Glu Asp Ile His Glu Cys Ile Leu Gly Gly Asn Trp Thr Cys Ile
 865 870 875 880
 Thr Gly Asp His Ser Lys Leu Lys Asp Gly Pro Ile Lys Lys Cys Lys
 885 890 895
 Trp Cys Gly Tyr Asp Phe Val Asn Ser Glu Gly Leu Pro His Tyr Pro
 900 905 910
 Ile Gly Lys Cys Met Leu Ile Asn Glu Ser Gly Tyr Arg Tyr Val Asp
 915 920 925
 Asp Thr Ser Cys Asp Arg Gly Gly Val Ala Ile Val Pro Thr Gly Thr
 930 935 940
 Val Lys Cys Arg Ile Gly Asp Val Thr Val Glu Val Val Ala Ser Asn
 945 950 955 960
 Asn Arg Leu Gly Pro Met Pro Cys Ser Pro Ala Glu Val Ile Ala Ser
 965 970 975

Glu Gly Pro Val Glu Lys Thr Ala Cys Thr Phe Asn Tyr Ser Arg Thr
980 985 990

Leu Pro Asn Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg Asp Arg Tyr Phe Glu Glu Ty
995 1000 1005

Met Leu Lys Gly Glu Trp Glu Tyr Trp Phe Asp Leu Asp His Val
1010 1015 1020

Asp His His Lys Asp Tyr Phe Ser Glu Phe Ile Ile Ile Ala Val
1025 1030 1035

Val Ala Leu Leu Gly Gly Lys Tyr Val Leu Trp Leu Leu Ile Thr
1040 1045 1050

Tyr Thr Ile Leu Ser Glu Glu Met Ala Met Gly Ala Gly Val Asn
1055 1060 1065

Thr Glu Glu Ile Val Met Ile Gly Asn Leu Leu Thr His Ser Asp
1070 1075 1080

Ile Glu Val Val Val Tyr Phe Leu Leu Leu Tyr Leu Ile Val Lys
1085 1090 1095

Glu Glu Leu Val Arg Lys Trp Val Ile Leu Val Tyr His Ile Leu
1100 1105 1110

Val Ala Asn Pro Met Lys Thr Ile Gly Val Ile Leu Leu Met Leu
1115 1120 1125

Gly Gly Ala Val Lys Ala Ser Arg Ile Asp Ala Asp Asp Glu Ser
1130 1135 1140

Ala Thr Asp Pro Cys Phe Leu Leu Val Thr Gly Ile Val Ala Val
1145 1150 1155

Leu Met Thr Ala Met Val Tyr Phe Leu Leu Leu Tyr Leu Ile Val
1160 1165 1170

Lys Glu Glu Leu Val Arg Lys Trp Val Ile Leu Val Tyr His Ile
1175 1180 1185

Leu Val Ala Asn Pro Met Lys Thr Ile Gly Val Ile Leu Leu Met
1190 1195 1200

Pro Gly Gly Val Val Ile Ala Ser Arg Ile Asp Ala Gly Asp Glu
1205 1210 1215

Ser Ala Thr Asp Pro Cys Phe Leu Leu Val Thr Gly Ile Val Ala
1220 1223 1226

Val Leu Met Ile Ala Arg Arg Glu Pro Ala Thr Leu Pro Leu Ile
1233 1240 1245

Ile Ala Leu Leu Ala Ile Arg Thr Ser Gly Phe Leu Leu Pro Ala
1250 1253 1256

Ser Ile Asp Ile Thr Val Ala Val Val Leu Ile Ala Leu Leu Leu
1263 1270 1275

Ala Ser Tyr Val Thr Asp Tyr Phe Arg Tyr Lys Lys Trp Leu Glu
1280 1283 1286

Phe Ser Phe Ser Leu Ile Ala Gly Ile Phe Ile Ile Arg Ser Leu
1293 1300 1305

Lys His Ile Asn Glu Met Glu Val Pro Glu Thr Ser Met Pro Asn
1310 1313 1320

Trp Arg Pro Leu Val Leu Val Ile Phe Tyr Ile Thr Ser Thr Ala
1323 1330 1336

Ile Thr Thr Asn Trp Asn Ile Arg Leu Ala Gly Phe Leu Leu Glu
1340 1343 1350

Trp Ala Pro Ala Val Ile Met Met Ala Thr Met Trp Ala Asp Phe
1353 1360 1366

Trp Thr Leu Ile Ile Val Leu Pro Ser Tyr Glu Leu Ser Lys Leu
1370 1373 1380

Tyr Phe Leu Lys Asn Val Arg Thr Asp Val Glu Lys Asn Trp Leu
1383 1390 1396

Gly Lys Val Lys Tyr Lys Glu Ile Ser Ser Val Tyr Asp Ile Cys
1400 1403 1410

Arg Ser Glu Glu Ala Val Tyr Leu Phe Pro Ser Arg His Lys Ser
1413 1420 1426

Gly Ser Arg Pro Asp Phe Ile Leu Pro Leu Leu Lys Ala Val Leu
1430 1433 1440

Ile Ser Cys Ile Ser Ser	Gln Trp Gln Val Val Tyr	Ile Ser Tyr
1445	1450	1455
Leu Ile Leu Glu Ile Thr Tyr	Tyr Met His Arg Lys	Ile Ile Asp
1460	1465	1470
Glu Val Ser Gly Gly Pro Asn	Phe Leu Ser Arg Leu	Ile Ala Ala
1475	1480	1485
Ile Ile Glu Leu Asn Trp Ala	Ile Asp Asp Glu Glu	Cys Lys Gly
1490	1495	1500
Leu Lys Lys Leu Tyr Leu Leu	Ser Gly Arg Val Lys	Asn Leu Ile
1505	1510	1515
Val Lys His Lys Val Arg Asn	Glu Ala Val His Arg	Trp Phe Gly
1520	1525	1530
Glu Glu Glu Ile Tyr Gly Ala	Pro Lys Val Ile Ala	Ile Ile Lys
1535	1540	1545
Ala Ser Thr Leu Thr Lys Asn	Arg His Cys Ile Ile	Cys Thr Ile
1550	1555	1560
Cys Glu Gly Lys Asp Trp Asn	Gly Ala Asn Cys Pro	Lys Cys Gly
1565	1570	1575
Arg Gln Gly Lys Pro Ile Thr	Cys Gly Met Thr Leu	Ala Arg Phe
1580	1585	1590
Glu Glu Lys His Tyr Lys Lys	Ile Phe Ile Arg Glu	Gly Cys His
1595	1600	1605
Arg Gly Pro Ser Arg Glu Glu	Tyr Lys Gly Tyr Val	Gln Tyr Ile
1610	1615	1620
Ala Arg Gly Gln Leu Phe Leu	Arg Asn Leu Pro Ile	Leu Ala Thr
1625	1630	1635
Lys Met Lys Leu Leu Met Val	Gly Asn Leu Gly Ala	Glu Ile Gly
1640	1645	1650
Arg Leu Glu His Leu Gly Tyr	Val Leu Arg Gly Pro	Ala Val Cys
1655	1660	1665
Lys Lys Ile Thr Asn His Glu	Lys Cys His Val Asn	Ile Met Asp
1670	1675	1680

Lys Leu	Thr Ala	Phe Phe	Gly	Ile Met	Pro Arg	Gly	Thr Thr	Pro
1688			1690			1696		
Arg Ala	Pro Val	Arg Phe	Pro	Thr Ala	Leu Leu	Lys	Val Arg	Arg
1708			1706			1710		
Gly Leu	Glu Thr	Gly Trp	Ala	Tyr Thr	His Glu	Gly	Gly Ile	Ser
1718			1720			1726		
Ser Val	Asp His	Val Thr	Ala	Gly Lys	Asp Leu	Leu	Val Cys	Asp
1738			1736			1740		
Ser Met	Gly Arg	Thr Arg	Val	Val Cys	His Ser	Asn	Asn Lys	Met
1748			1750			1756		
Thr Asp	Glu Thr	Glu Tyr	Gly	Ile Lys	Thr Asp	Ser	Gly Cys	Pro
1768			1766			1770		
Glu Gly	Ala Arg	Cys Tyr	Val	Leu Asn	Pro Glu	Ala	Val Asn	Ile
1778			1780			1786		
Ser Gly	Thr Lys	Gly Ala	Met	Val His	Leu Glu	Lys	Thr Gly	Gly
1788			1786			1800		
Glu Phe	Thr Cys	Val Thr	Ala	Ser Gly	Thr Pro	Ala	Phe Phe	Arg
1808			1810			1816		
Leu Lys	Asn Leu	Lys Gly	Trp	Ser Gly	Leu Pro	Ile	Phe Glu	Ala
1828			1826			1830		
Ser Ser	Gly Arg	Val Val	Gly	Arg Val	Lys Val	Gly	Lys Asn	Glu
1838			1840			1846		
Asp Ser	Lys Pro	Thr Lys	Leu	Met Ser	Gly Ile	Glu	Thr Val	Ser
1858			1856			1860		
Lys Asn	Glu Thr	Asp Leu	Ala	Asp Ile	Val Lys	Lys	Leu Thr	Ser
1868			1870			1876		
Met Asn	Arg Gly	Glu Phe	Lys	Glu Ile	Thr Leu	Ala	Thr Gly	Ala
1880			1886			1890		
Gly Lys	Thr Thr	Glu Leu	Pro	Arg Ser	Val Ile	Glu	Glu Ile	Gly
1898			1900			1906		

Arg His Lys Arg Val Leu Val Leu Ile Pro Leu Arg Ala Ala Ala
 1910 1915 1920
 Glu Ser Val Tyr Glu Tyr Met Arg Val Lys Asp Pro Ser Ile Ser
 1925 1930 1935
 Phe Asn Leu Arg Ile Gly Asp Met Lys Glu Gly Asp Met Ala Thr
 1940 1945 1950
 Gly Ile Thr Tyr Ala Ser Tyr Gly Tyr Phe Cys Glu Leu Pro Glu
 1955 1960 1965
 Pro Lys Leu Arg Ala Ala Met Val Glu Tyr Ser Tyr Ile Phe Leu
 1970 1975 1980
 Asp Glu Tyr His Cys Ala Thr Pro Glu Glu Leu Ala Ile Ile Gly
 1985 1990 1995
 Lys Ile His Arg Phe Ser Glu Asn Leu Arg Val Val Ala Met Thr
 2000 2005 2010
 Ala Thr Pro Ala Gly Thr Gly Thr Thr Thr Gly Glu Lys His Pro
 2015 2020 2025
 Ile Glu Glu Ser Ile Ala Pro Glu Val Met Lys Gly Glu Asp Leu
 2030 2035 2040
 Gly Ser Glu Tyr Leu Asp Ile Ala Gly Leu Lys Ile Pro Pro Glu
 2045 2050 2055
 Glu Met Lys Gly Asn Met Leu Val Phe Val Pro Thr Arg Asn Met
 2060 2065 2070
 Ala Val Glu Thr Ala Lys Lys Leu Lys Ala Lys Gly Tyr Asn Ser
 2075 2080 2085
 Gly Tyr Tyr Tyr Ser Gly Gly Asn Pro Glu Asn Leu Arg Val Val
 2090 2095 2100
 Thr Ser Glu Ser Pro Tyr Val Val Val Thr Thr Asn Ala Ile Glu
 2105 2110 2115
 Ser Gly Val Thr Leu Pro Arg Leu Asp Thr Val Val Asp Thr Gly
 2120 2125 2130
 Leu Lys Cys Glu Lys Arg Val Arg Ile Ser Ser Lys Met Pro Phe
 2135 2140 2145

Ile	Val	Thr	Gly	Leu	Lys	Arg	Met	Ala	Val	Thr	Ile	Gly	Glu	Gln
2160						2165					2168			
Ala	Gln	Arg	Arg	Gly	Arg	Val	Gly	Arg	Val	Lys	Pro	Gly	Arg	Tyr
2169						2170					2175			
Tyr	Arg	Ser	Gln	Glu	Thr	Ala	Ser	Gly	Ser	Lys	Asp	Tyr	His	Tyr
2180						2185					2190			
Asp	Leu	Leu	Gln	Ala	Gln	Arg	Tyr	Gly	Ile	Glu	Asp	Gly	Ile	Asn
2195						2200					2205			
Val	Thr	Lys	Ser	Phe	Arg	Glu	Met	Asn	Tyr	Asp	Trp	Ser	Leu	Tyr
2210						2215					2220			
Glu	Glu	Asp	Ser	Leu	Met	Ile	Thr	Gln	Leu	Glu	Val	Leu	Asn	Asn
2225						2230					2235			
Leu	Leu	Ile	Ser	Glu	Asp	Leu	Pro	Ala	Ala	Val	Lys	Asn	Ile	Met
2240						2245					2250			
Ala	Arg	Thr	Asp	His	Pro	Glu	Pro	Ile	Gln	Leu	Ala	Tyr	Asn	Ser
2255						2260					2265			
His	Glu	Asn	Gln	Ile	Pro	Val	Leu	Leu	Pro	Lys	Ile	Lys	Asn	Gly
2270						2275					2280			
Glu	Val	Thr	Asp	Ser	Tyr	Glu	Asn	Tyr	Thr	Tyr	Leu	Asn	Ala	Arg
2285						2290					2295			
Lys	Leu	Gly	Glu	Asp	Val	Pro	Val	Tyr	Val	Tyr	Ala	Thr	Glu	Gly
2300						2305					2310			
Glu	Asp	Leu	Ala	Val	Asp	Leu	Leu	Gly	Met	Asp	Trp	Ser	Asp	Ser
2315						2320					2325			
Gly	Asn	Gln	Gln	Val	Val	Glu	Thr	Gly	Arg	Ala	Leu	Lys	Gln	Val
2330						2335					2340			
Thr	Gly	Leu	Ser	Thr	Ala	Glu	Asn	Ala	Leu	Leu	Ile	Ala	Leu	Phe
2345						2350					2355			
Gly	Tyr	Val	Gly	Tyr	Gln	Thr	Leu	Ser	Lys	Arg	His	Ile	Pro	Met
2360						2365					2370			

Val Thr	Asp Ile Tyr Thr	Leu	Glu Asp His Arg	Leu	Glu Asp Thr	
2375		2380		2385		
Thr His	Leu Glu Phe Ala Pro	Asn Ala Ile Arg	Thr	Asp Gly Lys		
2390		2395		2400		
Asp Ser	Glu Leu Lys Glu	Leu	Ala Val Gly Asp	Leu	Asp Lys Tyr	
2405		2410		2415		
Leu Asp	Ala Leu Val Asp	Tyr	Ser Lys Glu Gly Met	Lys Phe Ile		
2420		2425		2430		
Lys Val	Glu Ala Glu Lys	Val	Lys Asp Ser Glu Ser	Thr Lys Glu		
2435		2440		2445		
Gly Leu	Glu Thr Ile Lys	Glu	Tyr Val Asp Lys	Phe	Ile Glu Ser	
2450		2455		2460		
Leu Thr	Glu Asn Lys Glu	Glu	Ile His Arg Tyr	Gly	Leu Trp Gly	
2465		2470		2475		
Ala His	Thr Ala Leu Tyr	Lys	Ser Leu Ala Ala Arg	Leu Gly His		
2480		2485		2490		
Glu Thr	Ala Phe Ala Thr	Leu	Val Val Lys Trp	Leu	Ala Phe Gly	
2495		2500		2505		
Gly Glu	Thr Val Ser Ala	His	Ile Lys Glu Ala Ala	Val Asp Leu		
2510		2515		2520		
Val Val	Tyr Tyr Ile Met	Asn	Lys Pro Ser Phe	Pro	Gly Asp Thr	
2525		2530		2535		
Glu Thr	Glu Glu Glu Gly	Arg	Arg Phe Val Ala Ser	Leu Phe Ile		
2540		2545		2550		
Ser Ala	Leu Ala Thr Tyr	Thr	Tyr Glu Thr Trp	Asn	Tyr Asn Asn	
2555		2560		2565		
Leu Ala	Arg Val Val Glu	Pro	Thr Leu Ala Tyr	Leu	Pro Tyr Ala	
2570		2575		2580		
Thr Ser	Ala Leu Lys Leu	Phe	Thr Pro Thr Arg	Leu	Glu Ser Val	
2585		2590		2595		
Val Ile	Leu Ser Ser Thr	Ile	Tyr Lys Thr Tyr	Leu	Ser Ile Arg	
2600		2605		2610		

Lys	Gly	Lys	Ser	Asp	Gly	Leu	Leu	Gly	Thr	Gly	Ile	Ser	Ala	Ala	2615
Met	Glu	Ile	Leu	Asn	Gln	Asn	Pro	Ile	Ser	Val	Gly	Ile	Ser	Val	2620
Met	Leu	Gly	Val	Gly	Ala	Ile	Ala	Ala	His	Asn	Ala	Ile	Glu	Ser	2625
Ser	Glu	Gln	Lys	Arg	Thr	Leu	Leu	Met	Lys	Val	Phe	Val	Lys	Asn	2630
Phe	Leu	Asp	Gln	Ala	Ala	Thr	Asp	Gln	Leu	Val	Lys	Gln	Asn	Pro	2635
Gln	Lys	Ile	Ile	Met	Ala	Leu	Phe	Gln	Ala	Val	Gln	Thr	Ile	Gly	2640
Asn	Pro	Leu	Arg	Leu	Ile	Tyr	His	Leu	Tyr	Gly	Val	Tyr	Tyr	Lys	2645
Gly	Trp	Gln	Ala	Lys	Gln	Leu	Ala	Gln	Lys	Thr	Ala	Gly	Arg	Asn	2650
Leu	Phe	Thr	Leu	Ile	Met	Phe	Gln	Ala	Phe	Gln	Leu	Leu	Gly	Met	2655
Asp	Ser	Gln	Gly	Lys	Ile	Arg	Asn	Leu	Ser	Gly	Asn	Tyr	Ile	Leu	2660
Asp	Leu	Ile	Phe	Asn	Leu	His	Asn	Lys	Leu	Asn	Lys	Gly	Leu	Lys	2665
Lys	Leu	Val	Leu	Gly	Trp	Ala	Pro	Ala	Pro	Phe	Ser	Cys	Asp	Trp	2670
Thr	Pro	Ser	Asp	Gln	Arg	Ile	Ser	Leu	Pro	His	Asn	Asn	Tyr	Leu	2675
Arg	Val	Gln	Thr	Arg	Cys	Pro	Cys	Gly	Tyr	Gln	Met	Lys	Ala	Ile	2680
Lys	Asn	Val	Ala	Gly	Lys	Leu	Thr	Lys	Val	Gln	Glu	Lys	Gly	Pro	2685

Phe	Leu	Cys	Arg	Asn	Arg	Leu	Gly	Arg	Gly	Pro	Pro	Asn	Phe	Arg
2848						2845					2850			
Val	Thr	Lys	Phe	Tyr	Asp	Asp	Asn	Leu	Ala	Glu	Val	Lys	Pro	Val
2855						2860					2865			
Ala	Lys	Leu	Glu	Gly	Gln	Val	Asp	Leu	Tyr	Tyr	Lys	Gly	Val	Thr
2870						2875					2880			
Ala	Lys	Leu	Asp	Tyr	Asn	Asn	Gly	Lys	Val	Leu	Leu	Ala	Thr	Asn
2885						2890					2895			
Lys	Tyr	Glu	Val	Asp	His	Ala	Phe	Leu	Thr	Arg	Leu	Val	Lys	Lys
2900						2905					2910			
His	Thr	Gly	Ile	Gly	Phe	Lys	Gly	Ala	Tyr	Leu	Gly	Asp	Arg	Pro
2915						2920					2925			
Asp	His	Gln	Asp	Leu	Val	Asp	Arg	Asp	Cys	Ala	Thr	Ile	Thr	Lys
2930						2935					2940			
Asn	Ser	Val	Gln	Phe	Leu	Lys	Met	Lys	Lys	Gly	Cys	Ala	Phe	Thr
2945						2950					2955			
Tyr	Asp	Leu	Thr	Ile	Ser	Asn	Leu	Val	Arg	Leu	Ile	Glu	Leu	Val
2960						2965					2970			
His	Lys	Asn	Asn	Leu	Gln	Glu	Arg	Glu	Ile	Pro	Thr	Val	Thr	Val
2975						2980					2985			
Thr	Thr	Tyr	Ile	Ala	Tyr	Ser	Phe	Val	Asn	Glu	Asp	Leu	Gly	Ser
2990						2995					3000			
Ile	Lys	Pro	Val	Leu	Gly	Glu	Lys	Val	Ile	Pro	Glu	Pro	Pro	Thr
3005						3010					3015			
Glu	Leu	Ser	Leu	Gln	Pro	Thr	Val	Gly	Leu	Val	Thr	Thr	Glu	Thr
3020						3025					3030			
Ala	Ile	Thr	Ile	Thr	Gly	Glu	Ala	Glu	Val	Met	Thr	Thr	Gly	Ile
3035						3040					3045			
Thr	Pro	Val	Val	Glu	Met	Lys	Glu	Glu	Pro	Gln	Leu	Asp	His	Gln
3050						3055					3060			
Ser	Thr	Thr	Leu	Lys	Val	Gly	Leu	Lys	Glu	Gly	Glu	Tyr	Pro	Gly
3065						3070					3075			

Pro Gly Val Asn Pro Asn His Leu Val Glu Val Ile Asp Glu Lys
3080 3085 3090

Asp Asp Arg Pro Phe Val Leu Ile Ile Gly Asn Lys Ser Ser Thr
3095 3100 3105

Ser Asn Arg Ala Arg Thr Ala Lys Asn Ile Ser Leu Tyr Lys Gly
3110 3115 3120

Asn Asn Pro Arg Glu Ile Arg Asp Leu Met Ser Gln Gly Arg Ile
3125 3130 3135

Phe Asp Val Ala Leu Lys Glu Leu Asp Pro Glu Leu Lys Glu Leu
3140 3145 3150

Val Asp Tyr Lys Gly Thr Phe Leu Asn Arg Glu Ala Leu Glu Ala
3155 3160 3165

Leu Ser Leu Gly Lys Pro Ile Lys Arg Lys Thr Thr Thr Ala Met
3170 3175 3180

Ile Arg Arg Leu Ile Glu Pro Glu Val Glu Glu Gln Leu Pro Asp
3185 3190 3195

Trp Phe Gln Ala Glu Glu Pro Leu Phe Leu Glu Ala Lys Ile Gln
3200 3205 3210

Ala Asp Leu Tyr His Leu Ile Gly Ser Val Asp Ser Ile Lys Ser
3215 3220 3225

Lys Ala Lys Glu Leu Gly Ala Thr Asp Asn Thr Lys Ile Val Lys
3230 3235 3240

Glu Val Gly Ala Arg Thr Tyr Thr Met Lys Leu Ser Ser Trp Ser
3245 3250 3255

Thr Gln Val Thr Lys Lys Gln Met Ser Leu Ala Pro Leu Phe Glu
3260 3265 3270

Glu Leu Leu Ile Lys Gys Pro Pro Gys Ser Lys Ile Ser Lys Gly
3275 3280 3285

His Met Val Ser Ala Tyr Gln Leu Ala Gln Gly Asn Trp Glu Pro
3290 3295 3300

Leu Gly 3385	Cys Gly Val Tyr Met 3310	Gly Thr Ile Pro Ala 3315	Arg Arg Leu
Lys Ile 3320	His Pro Tyr Glu Ala 3325	Tyr Leu Lys Leu Lys 3330	Glu Leu Val
Glu Val 3335	Glu Leu Ser Arg Val 3340	Thr Ala Lys Glu Ser 3345	Ile Ile Arg
Glu His 3350	Asn Thr Trp Ile Leu 3355	Arg Lys Val Arg His 3360	Glu Gly Asn
Leu Arg 3365	Thr Lys Ser Met Ile 3370	Asn Pro Gly Lys Ile 3375	Ser Asp Glu
Leu Cys 3380	Arg Asp Gly His Lys 3385	Arg Asn Ile Tyr Asn 3390	Lys Ile Ile
Gly Ser 3395	Thr Met Gly Ser Ala 3400	Gly Ile Arg Leu Glu 3405	Lys Leu Pro
Val Val 3410	Arg Ala Glu Thr Asp 3415	Thr Thr Ser Phe His 3420	Glu Ala Ile
Arg Glu 3425	Lys Ile Asp Lys Pro 3430	Glu Asn Lys Glu Thr 3435	Pro Glu Leu
His Glu 3440	Glu Leu Met Lys Val 3445	Phe Asp Cys Leu Lys 3450	Ile Pro Glu
Leu Lys 3455	Glu Ser Phe Asp Glu 3460	Val Ser Trp Glu Glu 3465	Leu Glu Ala
Gly Ile 3470	Asn Arg Lys Gly Ala 3475	Ala Gly Tyr Leu Glu 3480	Ser Lys Asn
Ile Gly 3485	Glu Val Leu Asp Thr 3490	Glu Lys His Ile Val 3495	Glu Glu Leu
Ile Lys 3500	Arg Leu Arg Lys Gly 3505	Lys Lys Ile Arg Tyr 3510	Tyr Glu Thr
Ala Ile 3515	Pro Lys Asn Glu Lys 3520	Arg Asp Val Ser Asp 3525	Asp Trp Glu
Ala Gly 3530	Glu Phe Val Asp Glu 3535	Lys Lys Pro Arg Val 3540	Ile Glu Tyr

Pro Asp Ala Lys Val Arg Leu Ala Ile Ala Lys Val Met Tyr Lys
3645 3650 3655

Trp Val Lys Gln Lys Pro Val Val Ile Pro Gly Tyr Glu Gly Lys
3660 3665 3670

Thr Pro Leu Phe Asp Ile Phe Asn Lys Val Lys Lys Glu Tyr Asp
3675 3680 3685

Ser Phe Gln Asp Pro Val Ala Val Ser Phe Asp Thr Lys Ala Trp
3690 3695 3700

Asp Thr Gln Val Thr Ser Lys Asp Leu Met Leu Ile Lys Asp Ile
3705 3710 3715

Gln Lys Tyr Tyr Phe Lys Arg Ser Thr His Lys Phe Leu Asp Thr
3720 3725 3730

Ile Thr Glu His Met Val Gln Val Pro Val Ile Thr Ala Asp Gly
3735 3740 3745

Gln Val Tyr Ile Arg Asn Gly Gln Arg Gly Ser Gly Gln Pro Asp
3750 3755 3760

Thr Ser Ala Gly Asn Ser Met Leu Asn Val Leu Thr Met Ile Tyr
3765 3770 3775

Ala Phe Cys Lys Ser Thr Gly Ile Pro Tyr Arg Gly Phe Ser Arg
3780 3785 3790

Val Ala Arg Ile His Val Cys Gly Asp Asp Gly Phe Leu Ile Thr
3795 3800 3805

Gln Arg Gly Leu Gly Leu Lys Phe Ser Glu Lys Gly Met Gln Ile
3810 3815 3820

Leu His Glu Ala Gly Lys Pro Gln Lys Ile Thr Glu Gly Glu Lys
3825 3830 3835

Met Lys Val Ala Tyr Arg Phe Gln Asp Ile Glu Phe Cys Ser His
3840 3845 3850

Thr Pro Val Pro Val Arg Trp Ala Asp Asn Thr Ser Ser Tyr Met
3855 3860 3865

Ala Gly Arg Ser Thr Ala Thr Ile Leu Ala Lys Met Pro Thr Arg
3770 3775 3780

Leu Asp Ser Ser Gly Gln Arg Gly Ser Thr Ala Tyr Glu Lys Pro
3785 3790 3795

Val Ala Phe Ser Phe Leu Leu Met Tyr Ser Trp Asn Pro Val Val
3800 3805 3810

Arg Arg Ile Cys Leu Leu Val Leu Ser Gln Phe Pro Glu Ile Ser
3815 3820 3825

Pro Ser Lys Asn Thr Ile Tyr Tyr Tyr Gln Gly Asp Pro Ile Ala
3830 3835 3840

Ala Tyr Arg Glu Val Ile Gly Lys Gln Leu Cys Glu Leu Lys Arg
3845 3850 3855

Thr Gly Phe Glu Lys Leu Ala Ser Leu Asn Leu Asn Met Thr Thr
3855 3860 3865

Leu Gly Ile Trp Thr Lys His Thr Ser Lys Arg Leu Ile Gln Asp
3865 3870 3875

Cys Val Glu Ile Gly Lys Arg Glu Gly Asn Trp Leu Val Asn Ala
3880 3885 3890

Asp Arg Leu Ile Ala Gly Lys Thr Gly Lys Phe Tyr Ile Pro Ser
3895 3900 3905

Thr Gly Val Thr Leu Leu Gly Lys His Tyr Glu Glu Ile Asn Leu
3910 3915 3920

Lys Gln Lys Ala Ala Gln Ser Pro Ile Glu Gly Val Asp Arg Tyr
3925 3930 3935

Lys Leu Gly Pro Ile Val Asn Val Ile Leu Arg Arg Leu Arg Val
3940 3945 3950

Met Leu Met Thr Val Ala Ser Gly Ser Trp
3955 3960

<210> 57
<211> 3899
<212> BLAST
<213> Nonimposed BLAST-3
<400> 57

Met Glu Leu Leu Asn Phe Glu Leu Leu Tyr Lys Thr Tyr Lys Gln Lys
1 5 10 15

Pro Ala Gly Val Gln Glu Pro Leu Tyr Asp Lys Asn Gly Ala Val Leu
20 25 30

Phe Gly Glu Pro Ser Asp Thr His Pro Gln Ser Thr Leu Lys Leu Pro
35 40 45

His Pro Arg Gly Glu Lys Glu Val Ile Val Gly Ile Arg Asp Leu Pro
50 55 60

Arg Lys Gly Asp Cys Arg Thr Gly Asn Arg Leu Gly Pro Val Ser Gly
65 70 75 80

Leu Phe Val Lys Pro Gly Pro Val Phe Tyr Gln Asp Tyr Ser Gly Pro
85 90 95

Val Tyr His Arg Ala Pro Leu Gln Gln Phe Lys Gln Ala Pro Met Cys
100 105 110

Glu Val Thr Lys Arg Ile Gly Arg Val Thr Gly Ser Asp Gly Asn Leu
115 120 125

Tyr His Met Tyr Val Cys Thr Asp Gly Cys Ile Leu Val Lys Thr Ala
130 135 140

Lys Arg Glu Gly Gln Asp Val Leu Lys Trp Val Tyr Asn Val Leu Asp
145 150 155 160

Ser Pro Ile Trp Val Ala Ser Cys Ser Asp Glu Lys Ala Gly Ala Lys
165 170 175

Pro Lys Glu Lys Ser Lys Pro Asp Arg Val Gln Lys Gly Lys Met Gln
180 185 190

Ile Ser Pro Lys Glu Thr Glu Arg Asp Ser Lys Thr Lys Pro Pro Asp
195 200 205

Ala Thr Ile Val Val Glu Gly Val Lys Tyr Gln Val Lys Lys Lys Gly
210 215 220

Lys Val Arg Gly Lys Asn Thr Glu Asp Gly Leu Tyr His Asn Lys Asn
225 230 235 240

Lys Pro Glu Gln Ser Arg Lys Lys Leu Glu Lys Ala Leu Leu Ala Trp

248	250	252
Ala Val Leu Ala Leu Val Leu Trp Gln Pro Val Gly Ala Gln Asn Ile 260 268 270		
Thr Gln Trp Asn Leu Lys Asp Asn Gly Thr Asn Gly Ile Gln His Ala 275 280 285		
Met Phe Val Arg Gly Val Asn Arg Ser Leu His Gly Ile Trp Pro Ser 290 295 300		
Lys Ile Cys Ser Gly Val Pro Thr His Leu Ala Thr Asp Ala Gln Leu 305 310 315 320		
Lys Gln Ile His Gly Met Met Asp Ala Ser Gln Lys Thr Asn Tyr Thr 325 330 335		
Cys Cys Arg Leu Gln Arg His Gln Trp Asn Lys His Gly Trp Cys Asn 340 345 350		
Trp Tyr Asn Ile Gln Pro Trp Ile Trp Leu Met Asn Lys Thr Gln Ala 355 360 365		
Asn Leu Thr Gly Gly Thr Pro Leu Lys Gln Cys Ala Val Thr Cys Arg 370 375 380		
Tyr Asp Lys Asp Lys Gln Ile Asn Ile Val Thr Gln Ala Arg Asp Arg 385 390 395 400		
Pro Thr Thr Leu Thr Gly Cys Lys Lys Gly Lys Arg Phe Ser Phe Ala 405 410 415		
Gly Gln Val Ile Asp Gly Pro Cys Asn Phe Asn Ile Ser Ala Gln Asp 420 425 430		
Met Leu Tyr Asp Gln Met Gln Cys Thr Gly Val Phe Gln Gln Met Ala 435 440 445		
Gln His Val Val Asp Gly Thr Thr Asn Thr Ile Gln Gly Ala Arg Gln 450 455 460		
Gly Ala Ala Lys Leu Thr Thr Trp Leu Gly Lys Gln Leu Arg Ile Leu 465 470 475 480		
Gly Lys Lys Leu Gln His Lys Ser Lys Thr Trp Phe Gly Ala His Ala 485 490 495		

Ala Thr Pro Tyr Cys Asn Ile Asn Lys Lys Ile Gly Tyr Val Trp Tyr
508 509 510

Thr Asn Asn Cys Thr Pro Ala Cys Leu Pro Lys Asn Thr Arg Ile Val
515 520 525

Gly Pro Gly Lys Phe Asp Thr Asn Gly Asp Asp Gly Lys Ile Leu His
530 535 540

Glu Met Gly Ser His Leu Ser Glu Leu Ala Ile Leu Ala Leu Val Val
545 550 555 560

Met Ser Asp Phe Ala Pro Gln Ser Ala Ser Val Leu Tyr Leu Ile Leu
565 570 575

His Phe Ser Ile Pro Gln Ala His Glu Glu Val Asp Gln Cys Asp Arg
580 585 590

Asn Gln Leu Asn Leu Thr Val Gly Leu Arg Thr Asp Glu Val Val Pro
595 600 605

Ser Ser Val Trp Asn Leu Gly Lys Trp Val Cys Val Arg Pro Pro Trp
610 615 620

Trp Pro Tyr Glu Thr Ala Thr Val Leu Ala Phe Glu Glu Ile Gly Gln
625 630 635 640

Val Leu Lys Leu Ile Leu Arg Ala Leu Lys Asp Leu Thr Asn Met Trp
645 650 655

Asn Ala Ala Ser Thr Thr Ala Phe Leu Val Cys Leu Val Lys Ile Leu
660 665 670

Arg Gly Glu Ile Val Gln Gly Val Ile Trp Leu Leu Leu Ile Thr Gly
675 680 685

Ala Gln Gly Asp Leu Ser Cys Lys Pro Glu Phe Gln Tyr Ala Ile Ser
690 695 700

Glu Thr Asp Glu Ile Asn Leu Leu Gly Pro Thr Gly Leu Thr Thr Thr
705 710 715 720

Trp His Ala Tyr Ser Glu Lys Leu His Ile Thr Asp Ser Ser Val Asp
725 730 735

Leu Thr Cys Val Asp Gly Asn Phe Leu Val Tyr Arg Arg Cys Val Arg

740	745	750
Lys Arg Arg Tyr Leu Ala Thr Val His Glu Arg Ala Leu Ser Thr Ser		
755	760	765
Val Arg Phe Thr Leu Val Ala Arg Pro Glu Arg Leu Glu Arg Val Glu		
770	775	780
Met Gly Arg Arg Phe Glu Phe Gly Leu Cys Pro Cys Arg Ser Val Pro		
785	790	795
Ile Ile Arg Gly Lys Phe Asn Thr Thr Leu Leu Asn Gly Ser Ala Phe		
805	810	815
Glu Leu Val Cys Pro Tyr Gly Trp Thr Gly Thr Ile Glu Cys Thr Val		
820	825	830
Val Ser Arg Ser Thr Leu Lys Thr Glu Val Val Lys Arg Phe Ala Arg		
835	840	845
Tyr Lys Phe Phe Pro His Arg Lys His Cys Met Asp Glu Met Val Val		
850	855	860
Gly Glu Arg Leu Tyr Glu Cys Leu Tyr Gly Gly Asn Trp Thr Cys Ile		
865	870	875
Pro Gly Arg Arg Val Leu Tyr Glu Gly Gly Glu Val Lys Arg Cys Lys		
885	890	895
Trp Cys Gly Phe Thr Phe Glu Glu Pro Ser Arg Leu Pro His Phe Pro		
900	905	910
Leu Gly Lys Cys Arg Leu Thr Asn Glu Thr Gly Tyr Arg Tyr Val Arg		
915	920	925
Asn Thr Thr Cys Arg Arg Arg Gly Val Ala Ile Met Glu Glu Gly Thr		
930	935	940
Leu Lys Cys Lys His Gly Lys Val Glu Val Arg Val Ser Ala Leu Asn		
945	950	955
Lys Asn Leu Gly Pro Met Pro Cys Lys Pro Ser His Val Thr Glu Ser		
965	970	975
Glu Gly Pro Val Ser Lys Thr Ala Cys Thr Phe Asn Trp Thr Glu Thr		
980	985	990

Leu Glu Asn Lys Tyr Phe Glu Pro Arg Asp Asn Tyr Phe Glu Glu Ty
 995 1000 1005
 Met Leu Lys Gly Lys Tyr Glu Tyr Trp Phe Asp Leu Glu Ala Thr
 1010 1015 1020
 Asp His His Glu Asp Tyr Phe Ala Glu Phe Ile Val Ile Ile Val
 1025 1030 1035
 Val Ala Leu Leu Gly Gly Arg Tyr Val Leu Trp Leu Leu Ile Val
 1040 1045 1050
 Tyr Tyr Val Ala Thr Glu Glu Gly Ala Arg Gly Glu Glu Met Asn
 1055 1060 1065
 Pro Gly Glu Val Val Leu Ile Gly Asp Met Ile Thr His Asp Ser
 1070 1075 1080
 Ile Glu Val Ile Thr Tyr Phe Leu Leu Leu Tyr Leu Leu Ile Lys
 1085 1090 1095
 Asp Glu Pro Val Lys Lys Trp Val Leu Leu Ile Tyr His Ala Ile
 1100 1105 1110
 Thr Ala Ser Pro Arg Lys Thr Ile Ile Val Ala Val Leu Met Phe
 1115 1120 1125
 Ser Ser Leu Val Arg Gly Asp Asp Gly Arg Ala Thr Glu Gly Asp
 1130 1135 1140
 Gly Leu Asp Val Trp Phe Tyr Val Val Leu Ala Met Val Cys Ile
 1145 1150 1155
 Leu Leu Met Val Lys Arg Asp Pro Thr Thr Ile Pro Ala Val Val
 1160 1165 1170
 Ile Ile Thr Gly Val Lys Thr Arg Glu Tyr Ala Ala Trp Leu Glu
 1175 1180 1185
 Leu Asp Ile Ala Leu Ser Ile Val Ala Ala Val Val Leu Leu His
 1190 1195 1200
 Ser Tyr Ile Ser Ser Tyr Tyr Arg Tyr Lys Glu Trp Leu Glu Cys
 1205 1210 1215
 Val Ile Ser Leu Leu Ala Gly Phe Phe Ile Ile Arg Thr Leu Lys

1228	1235	1239
Ala Val Gly Glu Tyr Glu Leu Pro Val Ile Thr Val Pro Asn Val 1233	1240	1245
Arg Pro Leu Pro Ile Val Phe Ile Tyr Leu Ile Thr Thr Thr Leu 1250	1255	1260
Val Thr His Glu Asn Leu Asp Leu Ala Gly Ile Phe Leu Ser Asn 1265	1270	1275
Ala Pro Ile Val Leu Met Val Leu Thr Leu Trp Ala Arg Leu Leu 1280	1285	1290
Thr Leu Ile Leu Val Leu Pro Thr Tyr Glu Leu Thr Lys Leu Tyr 1295	1300	1305
Tyr Ile Arg Arg Val Lys Lys Asp Val Glu Arg Ser Trp Leu Gly 1310	1315	1320
Ala Thr Asn Phe Thr Arg Val Asp Ser Val Tyr Glu Leu Asp Gly 1325	1330	1335
Ser Glu Glu Gly Val Tyr Leu Phe Pro Ser Arg Leu Gly Pro Gly 1340	1345	1350
Ala Lys Thr Gly Glu Ile Leu Pro Val Leu Arg Cys Val Leu Ile 1355	1360	1365
Ser Cys Ile Ser Ser Tyr Trp Glu Trp Thr Tyr Leu Thr Tyr Leu 1370	1375	1380
Val Ile Glu Leu Val Tyr Phe Met His Arg Arg Val Ile Glu Glu 1385	1390	1395
Ile Ala Gly Gly Thr Asn Ala Leu Ser Arg Thr Ile Ala Gly Leu 1400	1405	1410
Ile Glu Met Ser Trp Ala Leu Asp Glu Glu Glu Ser Lys Gly Leu 1415	1420	1425
Lys Lys Phe Phe Ile Leu Ser Ala Arg Leu Lys Asn Leu Val Leu 1430	1435	1440
Lys His Lys Val Arg Asn Glu Thr Ile Arg Ala Trp Tyr Glu Glu 1445	1450	1455

Glu Glu	Ile Tyr Gly Met Pro	Lys Val Ile Thr Leu	Ile Lys Ala
1460	1465	1470	
Ala Ser	Leu Ser Glu Ser Lys	His Cys Ile Leu Cys	Thr Val Cys
1475	1480	1485	
Glu Arg	Arg Asp Tyr Lys Gly	Gly Ser Cys Pro Lys	Cys Gly Arg
1490	1495	1500	
Ser Gly	Arg Pro Ile Ser Cys	Gly Met Thr Leu Ala	Arg Phe Glu
1505	1510	1515	
Glu Lys	His Tyr Lys Arg Ile	Phe Ile Arg Glu Gly	Glu Leu Asp
1520	1525	1530	
Gly Pro	Phe Arg Glu Glu Ala	Arg Gly Tyr Leu Glu	Tyr Ile Ala
1535	1540	1545	
Arg Gly	Glu Leu Phe Leu Arg	Asn Leu Pro Ile Leu	Ala Thr Lys
1550	1555	1560	
Val Lys	Leu Leu Met Val Gly	Asn Leu Gly Ser Glu	Val Gly Asp
1565	1570	1575	
Leu Glu	His Leu Gly Tyr Val	Leu Arg Gly Pro Ala	Val Cys Lys
1580	1585	1590	
Lys Ile	Val Ser His Glu Lys	Cys His Thr Gly Ile	Ala Asp Lys
1595	1600	1605	
Leu Thr	Ala Phe Phe Gly Ile	Met Pro Arg Gly Thr	Thr Pro Arg
1610	1615	1620	
Ala Pro	Val Arg Phe Pro Thr	Ser Leu Ile Lys Ile	Arg Arg Gly
1625	1630	1635	
Leu Glu	Thr Gly Tyr Ala Tyr	Thr His Glu Gly Gly	Ile Ser Ser
1640	1645	1650	
Val Asp	His Val Thr Ala Gly	Lys Asp Leu Leu Val	Cys Asp Ser
1655	1660	1665	
Met Gly	Arg Thr Arg Val Val	Cys Glu Ser Asn Asn	Lys Met Thr
1670	1675	1680	
Asp Glu	Thr Glu Tyr Gly Ile	Lys Thr Asp Ser Gly	Cys Pro Glu

1688	1690	1698
Gly Ala Arg Cys Tyr Val Leu	Asn Pro Gln Ala Gln	Asn Ile Ala
1700	1708	1710
Gly Thr Arg Gly Ala Met Val	His Leu Gln Lys Thr	Gly Gly Gln
1718	1720	1728
Phe Thr Cys Val Thr Ala Ser	Gly Thr Pro Ala Phe	Phe Asp Leu
1730	1738	1740
Lys Asn Leu Lys Gly Asp Ser	Gly Leu Pro Ile Phe	Gln Ala Ser
1748	1750	1758
Ser Gly Arg Val Val Gly Arg	Val Lys Val Gly Lys	Asn Gln Gln
1760	1768	1770
Ser Lys Pro Thr Lys Leu Met	Ser Gly Ile Gln Thr	Val Ser Lys
1778	1780	1788
Ser Thr Thr Asp Leu Thr Gln	Met Val Lys Lys Ile	Val Ala Met
1790	1798	1800
Asn Arg Gly Gln Phe Lys Gln	Ile Thr Leu Ala Thr	Gly Ala Gly
1808	1810	1818
Lys Thr Thr Gln Leu Pro Arg	Ser Val Ile Gln Gln	Ile Gly Arg
1820	1828	1830
His Lys Arg Val Leu Val Leu	Ile Pro Leu Arg Ala	Ala Ala Gln
1838	1840	1848
Ser Val Tyr Gln Tyr Met Lys	Gln Lys His Pro Ser	Ile Ala Phe
1850	1858	1860
Asn Leu Arg Ile Gly Gln Met	Lys Gln Gly Asp Met	Ala Thr Gly
1868	1870	1878
Ile Thr Tyr Ala Ser Tyr Gly	Tyr Phe Cys Gln Met	Pro Gln Pro
1880	1888	1890
Lys Leu Arg Ala Ala Met Val	Gln Tyr Ser Tyr Ile	Phe Leu Asp
1898	1900	1908
Gln Tyr His Cys Ala Thr Pro	Gln Gln Leu Ala Ile	Ile Gly Lys
1910	1918	1920

Ile His Arg Phe Ser Glu Asn Leu Arg Val Val Ala Met Thr Ala
1925 1930 1935

Thr Pro Ala Gly Ser Val Thr Thr Thr Gly Glu Lys His Pro Ile
1940 1945 1950

Glu Glu Phe Ile Ala Pro Glu Val Met Lys Gly Glu Asp Leu Gly
1955 1960 1965

Ser Asn Phe Leu Asp Ile Ala Gly Leu Lys Ile Pro Thr Glu Glu
1970 1975 1980

Met Lys Gly Asn Met Leu Val Phe Val Pro Thr Arg Asn Met Ala
1985 1990 1995

Val Glu Val Ala Lys Lys Leu Lys Ala Lys Gly Tyr Asn Ser Gly
2000 2005 2010

Tyr Tyr Tyr Ser Gly Glu Asp Pro Ala Asn Leu Arg Val Val Thr
2015 2020 2025

Ser Glu Ser Pro Tyr Val Val Val Ala Thr Asn Ala Ile Glu Ser
2030 2035 2040

Gly Val Thr Leu Pro Asp Leu Asp Val Val Val Asp Thr Gly Leu
2045 2050 2055

Lys Cys Glu Lys Arg Val Arg Ile Ser Ser Lys Met Pro Phe Ile
2060 2065 2070

Val Thr Gly Leu Lys Arg Met Ala Val Thr Val Gly Glu Glu Ala
2075 2080 2085

Glu Arg Arg Gly Arg Val Gly Arg Val Lys Pro Gly Arg Phe Tyr
2090 2095 2100

Arg Ser Glu Glu Thr Ala Ser Gly Ser Lys Asp Tyr His Tyr Asp
2105 2110 2115

Leu Leu Glu Ala Glu Arg Tyr Gly Ile Glu Asp Gly Ile Asn Ile
2120 2125 2130

Thr Lys Ser Phe Arg Glu Met Asn Tyr Asp Tyr Ser Leu Tyr Glu
2135 2140 2145

Glu Asp Ser Leu Leu Ile Thr Glu Leu Glu Val Leu Asn Asn Leu

2150	2155	2160
Leu Ile Ser Asp Asp Leu Pro Ala Ala Val Lys Asn Ile Met Ala 2165	2170	2175
Arg Thr Asp His Pro Gln Pro Ile Gln Leu Ala Tyr Asn Ser Tyr 2180	2185	2190
Gln Val Gln Val Pro Val Leu Phe Pro Lys Ile Arg Asn Gly Gln 2195	2200	2205
Val Thr Asn Gln Tyr Gln Ala Tyr Ser Phe Leu Asn Ala Arg Lys 2210	2215	2220
Leu Gly Gln Asp Val Pro Ala Tyr Ile Tyr Ala Thr Gln Asn Gln 2225	2230	2235
Asp Leu Ala Val Asp Leu Leu Gly Leu Asp Trp Pro Asp Pro Gly 2240	2245	2250
Ser Gln Gln Thr Asn Gln Thr Gly Lys Ala Leu Lys Gln Val Ser 2255	2260	2265
Gly Leu Ser Thr Ala Gln Asn Ala Leu Leu Val Ala Leu Phe Ser 2270	2275	2280
Tyr Val Gly Tyr Gln Ala Leu Ser Lys Arg His Ile Pro Val Val 2285	2290	2295
Thr Asp Ile Tyr Thr Ile Gln Asp Gln Arg Leu Gln Asp Thr Thr 2300	2305	2310
His Leu Gln Tyr Ala Pro Asn Ala Ile Arg Thr Asp Gly Lys Gln 2315	2320	2325
Thr Lys Leu Gln Gln Leu Ala Ile Gly Asp Ile Gln Arg Cys Leu 2330	2335	2340
Ser Thr Ala Lys Gln Tyr Ala Ser Arg Gly Val Gln Phe Ile Lys 2345	2350	2355
Thr Gln Ala Leu Lys Val Asn Asp Ser Pro Lys Val Gln Gln Thr 2360	2365	2370
Met Gln Ser Val His Gln Tyr Val Gln Lys Leu Leu Gln Thr Leu 2375	2380	2385

Lys Glu Ser Arg Glu Asp Ile Ile Lys Tyr Gly Leu Trp Gly Cys
 2420 2425 2430
 His Thr Ala Leu Tyr Lys Ser Ile Ala Ala Arg Leu Gly Asn Glu
 2435 2440 2445
 Thr Ala Phe Ala Thr Leu Val Ile Lys Trp Leu Ala Phe Gly Gly
 2450 2455 2460
 Glu Ser Leu Pro Ala His Val Lys Glu Ala Ala Val Asp Leu Val
 2465 2470 2475
 Val Tyr Tyr Ile Ile Asn Lys Pro Ser Phe Pro Gly Asp Thr Glu
 2480 2485 2490
 Thr Gln Gln Gln Gly Arg Arg Phe Val Ala Ser Leu Leu Val Ser
 2495 2500 2505
 Ala Leu Ala Thr Tyr Thr Tyr Lys Thr Trp Asn Tyr Asn Asn Leu
 2510 2515 2520
 Ala Lys Val Val Glu Pro Ala Leu Ala Tyr Leu Pro Tyr Ala Ser
 2525 2530 2535
 Lys Ala Leu Ser Leu Phe Val Pro Thr Arg Leu Glu Ser Val Val
 2540 2545 2550
 Ile Leu Ser Thr Ala Ile Tyr Lys Ser Tyr Leu Ala Ile Arg Lys
 2555 2560 2565
 Gly Lys Ser Asp Gly Leu Met Gly Thr Gly Leu Ser Ala Ala Met
 2570 2575 2580
 Glu Met Met Ser Gln Asn Pro Val Ser Val Gly Ile Ala Val Met
 2585 2590 2595
 Leu Gly Val Gly Ala Val Ala Ala His Asn Ala Ile Glu Ser Ser
 2600 2605 2610
 Glu Gln Lys Arg Thr Leu Leu Met Lys Val Phe Val Lys Asn Phe
 2615 2620 2625
 Leu Asp Gln Ala Ala Thr Asp Glu Leu Val Lys Glu Asn Pro Glu
 2630 2635 2640
 Lys Ile Ile Met Ala Met Phe Glu Ala Val Gln Thr Ile Gly Asn

2615	2630	2625
Pro Leu Arg Leu Ile Tyr His Leu Tyr Gly Ile Phe Tyr Lys Lys		
2635	2635	2640
Trp Glu Ala Lys Glu Leu Ala Glu Arg Thr Ala Gly Arg Asn Leu		
2645	2650	2655
Phe Thr Leu Ile Met Phe Glu Ala Val Glu Leu Leu Gly Val Asp		
2660	2665	2670
Asn Glu Gly Lys Ile Arg Thr Leu Ser Ser Asn Tyr Val Leu Glu		
2675	2680	2685
Leu Leu Thr Lys Phe Cys Gly Asn Ile Asn Asn Lys Val Arg Asn		
2690	2695	2700
Leu Val Leu Gly Trp Ala Pro Ala Pro Phe Ser Cys Asp Trp Thr		
2705	2710	2715
Pro His Asp Glu Arg Ile Arg Leu Pro His Glu Asn Tyr Ala Leu		
2720	2725	2730
Val Val Thr Arg Cys Pro Cys Gly Tyr Glu Ser Arg Ser Arg Lys		
2735	2740	2745
Met Asp Thr Gly Glu Met Val Lys Leu Glu Glu Lys Gly Pro Phe		
2750	2755	2760
Leu Cys Arg Asn Arg Pro Gly Arg Asn Tyr Gly Asn Leu Arg Val		
2765	2770	2775
Thr Arg Tyr Tyr Asp Lys Asp Gly Ala Glu Leu Lys Pro Val Ile		
2780	2785	2790
Lys Leu Glu Lys Glu Ala Glu Leu Tyr Tyr Lys Gly Ala Thr Leu		
2795	2800	2805
Lys Val Asp Phe Ser Asn Gly Lys Ser Val Val Ala Thr Asp Lys		
2810	2815	2820
Trp Glu Val Asp His Ser Thr Ile Ala Arg Leu Glu Lys Arg Tyr		
2825	2830	2835
Thr Gly Ala Gly Tyr Lys Gly Ala Tyr Leu Gly Asp Arg Pro Asn		
2840	2845	2850

His Glu Ala Leu Val Glu Arg Lys Cys Ala Thr Ile Thr Arg Asp
 2858 2860 2865
 Lys Val Glu Phe Ile Lys Met Ala Lys Gly Cys Ala Phe Thr Tyr
 2870 2875 2880
 Asp Leu Ser Leu Ser Asn Leu Lys Arg Leu Ile Glu Leu Val His
 2885 2890 2895
 Lys Asn Lys Leu Glu Glu Lys Glu Ile Pro Glu Ala Thr Val Thr
 2900 2905 2910
 Thr Trp Leu Ala Tyr Thr Phe Val Asn Glu Asp Ile Gly Thr Ile
 2915 2920 2925
 Arg Pro Ser Phe Gly Glu Arg Val Leu Pro Glu Ser Pro Ser Asp
 2930 2935 2940
 Pro Ser Leu Glu Pro Ser Val Val Ile Asn Arg Ala Ala Ala Glu
 2945 2950 2955
 Ile Thr Val Ile Gly Glu Ala Glu Glu Met Thr Thr Gly Val Thr
 2960 2965 2970
 Pro Val Glu Leu Asn Asp Asn Glu Ala Gly Val Ser Ser Val Asn
 2975 2980 2985
 Glu Leu Glu Ile Gly Leu Glu Arg Gly Glu Phe Pro Gly Pro Val
 2990 2995 3000
 Pro Glu Gly Lys Ser Leu Glu Glu Ala Ile Glu Glu Lys Arg Gly
 3005 3010 3015
 Arg Pro Tyr Val Leu Ile Leu Gly Ser Lys His Ser Thr Ser Asn
 3020 3025 3030
 Arg Val Lys Thr Ala Lys Asn Val Lys Val Tyr Lys Gly Arg Ser
 3035 3040 3045
 Met Glu Glu Val Arg Gly Leu Met Arg Glu Gly Lys Leu Leu Val
 3050 3055 3060
 Val Ala Leu Arg Glu Val Ser Lys Arg Leu Leu His Leu Val Arg
 3065 3070 3075
 Tyr Lys Gly Thr Phe Leu Thr Arg Glu Ala Leu Glu Ala Leu Ser

3050	3085	3090
Met Gly Arg Pro Arg Pro Lys Glu Ala Thr Arg Ala Glu Ile Thr 3055 3100 3105		
Arg Leu Leu Asn Pro Thr Glu Glu Asp Ile Glu Val Pro Glu Trp 3110 3115 3120		
Phe Thr Ala Ser Glu Pro Val Phe Leu Asp Ala Glu Ile Lys Gly 3125 3130 3135		
Gly Thr Tyr His Leu Val Gly Gly Ile Glu Glu Ile Lys Glu Lys 3140 3145 3150		
Ala Lys Ala Leu Gly Ala Thr Asp Ser Thr Lys Ile Ile Glu Gly 3155 3160 3165		
Leu Gly Ser Arg Val Tyr Thr Met Lys Leu Ser Ser Trp Ile His 3170 3175 3180		
Glu Asn Thr Thr Lys Glu Asn Asp Leu Arg Pro Leu Phe Glu Glu 3185 3190 3195		
Leu Leu Leu Glu Cys Pro Pro Ser Ser Arg Glu Thr Lys Gly His 3200 3205 3210		
Val Val Ser Ala Tyr Glu Leu Ala Glu Gly Asn Trp Glu Pro Val 3215 3220 3225		
Ser Cys Asn Val Tyr Met Gly Thr Ile Pro Ala Arg Arg Val Lys 3230 3235 3240		
Thr His Pro Tyr Glu Ala Tyr Leu Lys Leu Lys Asp Leu Leu Ser 3245 3250 3255		
Glu His Lys Met Arg Val Glu Thr Gly Phe Asp Asp Leu Lys Asp 3260 3265 3270		
His Asn Arg Trp Ile Leu Arg Lys Val Lys His Glu Gly Asn Leu 3275 3280 3285		
Arg Thr Lys His Ile Leu Asn Pro Gly Lys Leu Thr Glu Glu Leu 3290 3295 3300		
Glu Arg Glu Gly Arg Lys His Asn Val Tyr Asn Lys Glu Ile Gly 3305 3310 3315		

Ser Ile Met Thr Ser Ile Gly Ile Arg Met Glu Lys Leu Pro Ile
 3320 3325 3330
 Val Arg Ala Gln Thr Asp Thr Val Ser Phe His Gln Ala Ile Arg
 3335 3340 3345
 Asp Lys Ile Asp Lys Glu Glu Asn Ala Gln Ser Pro Asp Leu His
 3350 3355 3360
 Glu Lys Leu Trp Gln Val Phe Arg Thr Leu Lys Val Pro Glu Leu
 3365 3370 3375
 Lys Gly Val Tyr Asp Glu Val Ser Trp Gln Glu Leu Glu Thr Gly
 3380 3385 3390
 Ile Asn Arg Lys Gly Ala Ala Gly Phe Leu Glu Lys Lys Asn Ile
 3395 3400 3405
 Gly Glu Val Leu Ala Ser Glu Lys Asn Leu Val Glu Glu Ile Val
 3410 3415 3420
 Lys Asp Leu Lys Arg Gly Lys Lys Ile Asn Tyr Tyr Glu Thr Ala
 3425 3430 3435
 Ile Pro Lys Asn Glu Lys Arg Asp Val Asn Asp Asp Trp Glu Ala
 3440 3445 3450
 Gly Asp Leu Val Asp Glu Lys Lys Pro Arg Val Ile Gln Tyr Pro
 3455 3460 3465
 Asp Ala Lys Val Arg Leu Ala Ile Thr Lys Val Met Tyr Lys Trp
 3470 3475 3480
 Val Lys Gln Lys Pro Val Val Ile Pro Gly Tyr Glu Gly Lys Thr
 3485 3490 3495
 Pro Leu Phe Gln Ile Phe Asp Lys Val Lys Lys Glu Trp Asp Gly
 3500 3505 3510
 Phe Asn Asp Pro Val Ala Val Ser Phe Asp Thr Lys Ala Trp Asp
 3515 3520 3525
 Thr Gln Val Thr Ser Arg Asp Leu Arg Leu Ile Gly Arg Ile Gln
 3530 3535 3540
 Lys Tyr Tyr Phe Lys Ser Arg Trp His Lys Phe Ile Asp Thr Leu

3545	3550	3555
Thr Glu His Met Thr Glu Val Pro Val Ile Thr Ala Asp Gly Glu 3540 3545 3550		
Val Tyr Ile Arg Lys Gly Glu Arg Gly Ser Gly Glu Pro Asp Thr 3575 3580 3585		
Ser Ala Gly Asn Ser Met Leu Asn Val Leu Thr Met Val Tyr Ala 3590 3595 3600		
Phe Cys Glu Ser Thr Gly Val Pro Tyr Arg Ser Phe Asn Arg Val 3605 3610 3615		
Ala Arg Ile His Val Cys Gly Asp Asp Gly Phe Leu Ile Thr Glu 3620 3625 3630		
Arg Gly Leu Gly Leu Lys Phe Ala Ser Lys Gly Ala Glu Ile Leu 3635 3640 3645		
Tyr Glu Ser Gly Lys Pro Glu Lys Ile Leu Glu Gly Asp Lys Met 3650 3655 3660		
Lys Val Ala Tyr Arg Phe Glu Asp Ile Glu Phe Cys Ser His Thr 3665 3670 3675		
Pro Ile Pro Val Arg Trp Ser Asp Asn Ser Ser Gly Tyr Met Ala 3680 3685 3690		
Gly Arg Asn Thr Ala Thr Val Leu Ala Lys Met Ala Thr Arg Leu 3695 3700 3705		
Asp Ser Ser Gly Glu Arg Gly Thr Ala Ala Tyr Glu Lys Ala Val 3710 3715 3720		
Ala Phe Ser Phe Leu Leu Met Tyr Ser Trp Asn Pro Leu Ile Arg 3725 3730 3735		
Arg Ile Cys Leu Leu Thr Leu Ser Ser Lys Pro Glu Val Asp Pro 3740 3745 3750		
Ser Lys Glu Ala Thr Tyr Tyr Tyr Lys Gly Asp Pro Ile Gly Ala 3755 3760 3765		
Tyr Lys Glu Val Val Gly His Asn Leu His Asp Leu Lys Arg Val 3770 3775 3780		

Gly Phe Glu Lys Leu Ala Ser Leu Asn Leu Ser Met Ser Thr Leu
3785 3790 3795

Gly Ile Trp Thr Arg His Thr Ser Lys Arg Leu Leu Glu Asp Cys
3800 3805 3810

Val Lys Val Gly Lys Glu Glu Gly Asn Trp Leu Val Asn Ala Asp
3815 3820 3825

Arg Leu Val Ser Ser Lys Thr Asn Lys Met Tyr Ile Pro Asp Glu
3830 3835 3840

Gly His Thr Leu Glu Gly Lys Tyr Tyr Glu Glu Leu Arg Leu Leu
3845 3850 3855

Gly Pro Gly Gly Pro Ile Leu Arg Val Gly Lys Asp Arg Tyr Arg
3860 3865 3870

Leu Gly Pro Ile Val Asn Val Ile Leu Arg Arg Leu Arg Val Leu
3875 3880 3885

Met Met Ala Ala Val Gly Glu Lys Ala Val Ile
3890 3895

<210> 55
<211> 3893
<212> EISEN
<213> Homingorella neozymoprycy neozymoprycy nauchna
<400> 55

Met Ser Gly Val Glu Gly Glu Pro Arg Arg Gly Ser Glu Lys Thr Val
1 5 10 15

Arg Met Arg Glu Tyr Lys Asp Ser Phe Glu Arg Gly Leu Tyr Val Glu
20 25 30

Ile Gly Pro Lys Leu Tyr Ser Ser Tyr Glu Gly Pro Val Tyr Asp Thr
35 40 45

Ile Pro Ile Lys Ile Thr Glu Glu Ile Glu Glu Leu Cys Thr Thr Gly
50 55 60

Tyr Glu Val Gly Thr Gly Arg Asp Glu Thr Glu Lys Glu Trp Glu Ile
65 70 75 80

Tyr Cys Cys Lys Cys His Pro Tyr Ile Thr Phe Leu Asp Lys Lys Thr
85 90 95

Gly Lys Ile Lys Ala Leu Lys Glu Glu Pro Leu Gly Cys Pro Ile Met
100 105 110

Ile Val Pro Glu Glu Gly Ala Thr Tyr Thr Lys Gly Cys Arg Asn Pro
115 120 125

Ala Arg Thr Leu Tyr Gly Ser Cys Gly Cys Thr Tyr Gly Lys Lys Pro
130 135 140

Arg Val Cys Thr Gly Arg Gly Val Thr Leu Arg Leu Pro His Pro Arg
145 150 155 160

Gly Lys Lys Thr Thr Pro Thr Gln Arg Ile Pro Arg Val Gly Asp Cys
165 170 175

Asn Asn Val Asp Thr Ser Gly Val Phe Leu Lys Val Gly Gly Ile Met
180 185 190

Tyr Arg Arg Tyr Gln Gly Leu Val Tyr His Arg Leu Pro Lys Glu Gln
195 200 205

Cys Arg Lys Thr Lys Gly Asn His Lys Pro Ile Ile Lys Leu Gly Lys
210 215 220

Val Tyr Ala Thr Arg Gly Lys Ile Tyr Lys Ile Gly Ile Arg Glu Gln
225 230 235 240

Thr Glu Val Val Ala Trp Arg Arg Asn Ile Leu Gly Ile Gln Val Phe
245 250 255

Tyr Asn Trp Val Thr Glu Pro Leu Gly Ile Pro Ile Trp Val Lys Thr
260 265 270

Cys Ser Arg Pro Asn Gly Asn Thr Lys Lys Lys Glu Glu Lys Thr Arg
275 280 285

Arg Arg Leu Lys Lys Gly Gly Leu Lys Cys Lys Pro Arg Glu Gln Glu
290 295 300

Pro Arg Ile Lys Arg Lys Pro Gly Pro Arg Ala Val Ile Val Ser Glu
305 310 315 320

Gly Lys Lys Tyr His Val Thr Cys Lys Gly Lys Val Lys Gly Glu Asn
325 330 335

Thr Lys Glu Gly Leu Tyr His Lys Lys Pro Lys Pro Gln Asp Ser Arg
 340 345 350
 Lys Lys Leu Glu Lys Ala Leu Leu Ala Trp Ala Ile Leu Ala Ile Leu
 355 360 365
 Thr Gly Leu Ala Thr Ser Asn Val Thr Gln Trp Asn Leu Ala Asp Glu
 370 375 380
 Tyr Ser His Asp Met His Arg Val Met Phe Glu Arg Asn Ile Ser Arg
 385 390 395 400
 Ser Ile His Gly Ile Trp Pro Val Lys Ile Cys Lys Gly Val Pro Asn
 405 410 415
 Pro Met Ile Thr Asp Gln Gln Ala Lys Gln Ile Val Gly Met Val Asp
 420 425 430
 Ala Ser Pro Ser Thr Asn Tyr Thr Cys Cys His Leu Gln Arg His Glu
 435 440 445
 Trp Asn Lys His Gly Trp Cys Asn Trp Phe Asn Val Asp Pro Trp Ile
 450 455 460
 Thr Met Met Ile Tyr Gln Asn Gln Arg Ile Val Asn Lys Ile Gly Gln
 465 470 475 480
 Glu Cys Ala Val Thr Cys Arg Tyr Asn His Thr Met Gly Thr Asn Ile
 485 490 495
 Val Leu Gln Ala Arg Ser Ser Pro Thr Ser Thr Thr Gly Cys Lys Pro
 500 505 510
 Gly Ala Lys Tyr Ser Phe Ala Gly Gln Ile Arg Lys Ser Lys Cys Lys
 515 520 525
 Leu Glu Val Gly Met Glu Glu Leu Ile Glu Ser Leu Asp Thr Arg Trp
 530 535 540
 Gln Arg His Thr Phe Ser Trp Glu Asp Tyr Ile Ile Asp Gly Ala Thr
 545 550 555 560
 His Ile Ile Glu Gly Lys Arg Gln Leu Ile Thr Lys Leu Ile Asp Lys
 565 570 575
 Val Glu Asn Gly Leu Arg Lys Ala Lys Gln Lys Leu Asn Lys Val Lys
 580 585 590

Lys Phe Phe Ser Ser Ala Thr Asn Thr Asp Ile Lys Asn Lys Ile Tyr
 605 606
 Cys Glu Lys Phe His Val Leu Gly Asp Leu Val Tyr Val Asn Ser Cys
 610 615
 Leu Pro Met Gly Leu Pro Thr Gly Ala Arg Phe Val Ser Lys Asn Val
 620 625
 Ile Ser Leu Glu Pro Glu Lys Thr Ala Glu Ile Ile Pro Arg Leu Thr
 630 635
 His His Leu Asp Ser Gly Ile Leu Leu Val Leu Val Ala Met Ser Asp
 640 645
 Phe Met Pro Glu Thr Ser Ser Ala Leu Tyr Leu Ile Leu His Phe Met
 650 655
 Ile Pro Asn Ser Arg His Arg Thr Ile Ser Glu Glu Gly Leu Thr Met
 660 665
 Ala Leu Asn Leu Thr Ser Thr Glu Pro Val Ser Ser Val Ile Pro Thr
 670 675
 Ser Val Tyr Val Glu Gly Glu Trp Thr Cys Trp Lys Pro Ser Trp Trp
 680 685
 Pro Tyr Asn Ala Asp Ile Ala Leu Phe Phe Glu Gly Ala Phe Glu Met
 690 695
 Leu Glu Leu Ile Ala Arg Ala Val Gly Asp Leu Met Lys Val Trp Thr
 700 705
 Glu Ala Thr Ala Val Ala Phe Leu Cys Phe Leu Ile Lys Ala Phe Arg
 710 715
 Gly Glu Ile Leu Glu Gly Val Ile Leu Leu Leu Leu Leu Ser Ser Ala
 720 725
 Glu Gly Arg Tyr Asn Glu Val Lys Val Asp Arg Pro Asp Trp His Thr
 730 735
 Leu Leu Glu Lys Asp Leu Lys Gly Val Leu Ser Gly Lys Asp Gly Leu
 740 745

Tyr Ile Leu Arg Ser Asn Lys Val Trp Thr Gly Gly Ser Val Ile Ile
 833 840 845
 Thr Asp Glu Phe Ala Val Thr Thr Phe Ile Gly Asp His Thr Gly Asn
 850 855 860
 Phe Lys Phe Ser Val Lys Val Met Thr Thr Pro Ile Glu Met Asp Tyr
 865 870 875 880
 Cys Ile Lys Val Ile Asp Thr Ala Lys Phe Phe Cys Val Met Val Gly
 885 890 895
 Thr Pro Thr Glu Arg Asp Leu Val Lys Pro Pro Glu Met Leu Cys Gly
 900 905 910
 Cys Gly Ala Leu Glu Val Glu Asp Asn Asn Ser Thr Gly Leu Ile Ser
 915 920 925
 Pro Gly Asn Val Leu Pro Ser Lys Cys Ile Asn Gly Trp Thr Gly Val
 930 935 940
 Val Thr Cys His Cys Pro Tyr Thr Asp Ile Lys Met Lys Phe Leu Glu
 945 950 955 960
 Asn Thr Thr Pro Glu Lys Tyr Ser Lys Asn Cys Pro Gly Thr Tyr Leu
 965 970 975
 Ser Asp Glu Asn Phe His His Asp Cys Lys Tyr Gly Ser Glu Glu Ser
 980 985 990
 Cys Ile Asp Pro Glu Pro Thr Lys Leu Pro Pro Glu Thr Tyr Glu As
 995 1000 1005
 Ile Glu Glu Cys Phe Trp Cys Ser Tyr Tyr Ile Lys Asp Ala Asn
 1010 1015 1020
 Phe Thr Pro His Lys Gly Pro Leu Gly Trp Cys Arg Val Gly Glu
 1025 1030 1035
 Asn Glu Pro Tyr Tyr Leu Thr Asn Arg Lys Ser Cys Val Glu Gly
 1040 1045 1050
 Gly Val Glu Ile Gly Ser Gly Glu Val Thr Cys Leu Ile Gly Thr
 1055 1060 1065
 Thr Lys Ile Lys Val Gly Asn Phe Asn Glu Thr Ala Ile Ser Phe
 1070 1075 1080

Met Pro Cys Asn Pro Ile Lys Glu Ala Ser Arg Gly Pro Pro Ser
1088 1090 1095

Arg Thr Thr Cys Thr Tyr Lys Tyr Ala Lys Thr Leu Lys Asn Lys
1100 1105 1110

Ile Tyr Asp Glu Lys Arg Arg Tyr Trp Gly Gln Tyr Met Val Lys
1115 1120 1125

Gly Glu Tyr Gln Tyr Trp Phe Arg Leu Glu Gln Asp Asp His Val
1130 1135 1140

Thr Gly Gly Leu Leu Lys Tyr Leu Pro Leu Ile Met Val Leu Leu
1145 1150 1155

Leu Gly Gly Lys Met Val Ala Trp Leu Leu Thr Ala Tyr Tyr Leu
1160 1165 1170

Met Glu Val Val Glu Ala Thr Arg Arg Ile Ala Ser His Thr Ala
1175 1180 1185

Val Val Met Gly Pro Leu Ile Lys Cys Val Arg Tyr Asp Thr Val
1190 1195 1200

Cys Val Leu Ala Leu Ile Phe Leu Leu Ile Lys Asn Asn Thr Ser
1205 1210 1215

Arg Leu Val Val Ile Ser Leu Tyr Ser Ile Met Lys Gly Lys Ile
1220 1225 1230

Leu Ile Pro Leu Leu Ile Ala Met Ser Ile Ile Ile Gln Gly Thr
1235 1240 1245

Met Ala His Glu Cys Glu Met Glu Thr Thr Glu Gly Ser Asn Leu
1250 1255 1260

Phe Pro Met Ala Cys Val Val Phe Tyr Cys Ile Val Ser Phe Leu
1265 1270 1275

Lys Phe Gly Glu Ala Thr Gly Val Val Val Leu Ile Leu Leu Gly
1280 1285 1290

Val Met Lys Met Ala Gln Asn Leu Ser Val Gly Val Ser Ala Val
1295 1300 1305

Leu Val Leu Ala Trp Ala Val Leu Gly Thr Val Ile Tyr Leu Ser
 1310 1315 1320
 Thr Arg Lys His His Val Ser Pro Ile Met Thr Ser Leu Val Ala
 1325 1330 1335
 Leu Thr Leu Thr Ala Gln Leu Ala Gly Leu Val Thr Asn Thr Val
 1340 1345 1350
 Gln Gln Leu Ser Asp Val Val Met Gln Leu Arg Pro Val Gln Ile
 1355 1360 1365
 Thr Thr Val His Lys Ile Phe Leu Val Tyr Ile Phe Tyr Leu Val
 1370 1375 1380
 Tyr Ile Val Thr Tyr Lys Lys Gln Gly Thr Asp Phe Phe Thr Tyr
 1385 1390 1395
 Leu Leu Asp Leu Leu Leu Leu Ile Lys Met Tyr Leu Val Val Ser
 1400 1405 1410
 Leu Asp Cys Val Ser Phe Phe Leu Ser Asn Phe Cys Ser Asp Val
 1415 1420 1425
 Val Arg Tyr Lys Leu Ile Thr Lys Lys Leu Gly Val Pro Gln Gln
 1430 1435 1440
 Leu Gln Asn Leu Ser Leu Asn Ser Asp Met Gln Ala Leu Gln Lys
 1445 1450 1455
 Ser Gly Ala Tyr Leu Arg Pro Tyr Ser Lys Asn Arg Lys Leu Leu
 1460 1465 1470
 Gln Cys Arg Gln Val Val Tyr Ile Leu Ala Arg Ala Leu Leu Leu
 1475 1480 1485
 Thr Ala Leu Gly Arg Leu Trp Phe Pro Phe Val Phe Leu Arg Leu
 1490 1495 1500
 Phe Phe Ser Ile Leu Leu His Ala His Lys Gln Leu Leu Arg Gln
 1505 1510 1515
 Val Ala Ser Ser Lys Thr Leu Ile Ala Ser Leu Leu Ala Ser Thr
 1520 1525 1530
 Val Asn Ala Val Met Ile Leu Lys Tyr Pro Gly Met Thr Lys Thr
 1535 1540 1545

Glu Lys Leu Tyr Gln Val Trp Thr Thr Val Arg Arg Glu Ile Leu
 1550 1555 1560
 Lys His Glu Val Gln Asn Pro Val Leu Lys Asn Trp Tyr Glu Asp
 1565 1570 1575
 Thr Glu Ser Met His Arg Gly Val Met Ala Phe Ile Val Lys Val
 1580 1585 1590
 Val Gly Lys Asp Ser Ile Leu Cys Ser Asn Cys Glu Gln Glu Asn
 1595 1600 1605
 Lys Tyr Pro Cys Pro Ala Cys Gly Ala Gln Ser Pro Arg Ile Arg
 1610 1615 1620
 Cys Gly Trp Thr Leu Lys Asp Leu Glu Tyr Thr Arg Leu Ser Lys
 1625 1630 1635
 Ala Glu Glu Lys Ile Gly Gly Val Tyr Lys Phe Arg Arg Thr Asn
 1640 1645 1650
 Ile Glu Phe Asp Phe Gly Thr Ala Ser His Ser Leu Lys Lys Tyr
 1655 1660 1665
 Ile Gln Met Leu Pro Ile Leu Ala Thr Arg Gln Asn Leu Ile Leu
 1670 1675 1680
 Val Gly Asn Leu Gly Tyr Glu Val Glu Thr Leu Ile Lys Ala Gly
 1685 1690 1695
 Trp Lys Leu Arg Ala Pro Ala Ile Ile Pro Lys Ile Val Glu Thr
 1700 1705 1710
 Leu Gln Gly Glu Asn Ser Val Leu Asp Lys Leu Gln Leu Phe Phe
 1715 1720 1725
 Gly Ile Thr Pro Met Gly Val Thr Pro Lys Asn Pro Thr Arg Leu
 1730 1735 1740
 Pro Thr Ser Leu Ile Lys Ile Lys Arg Gly Phe Glu Thr Gly Trp
 1745 1750 1755
 Ala Tyr Thr His Pro Gly Gly Leu Ser Ser Val Glu His Val Thr
 1760 1765 1770

Gly Lys	Asn Asp Ile Phe Cys	Ser Asp Ser Asn Gly	Arg Thr Thr
1785	1788	1795	
Ile Lys	Ile Thr Ser Ser Asn	Ser Lys Thr Asp Glu	Thr Glu Tyr
1790	1793	1800	
Gly Ile	Lys Thr Asp Met Asn	Thr Ser Glu Gly Ala	Arg Cys Leu
1805	1810	1815	
Val Tyr	Asn Pro Glu Ala Thr	Asn Ile Ser Gly Ser	Lys Gly Ala
1820	1825	1830	
Val Val	His Leu Arg Lys Cys	Gly Ser Asp Phe Lys	Cys Ile Thr
1835	1840	1845	
Ala Asp	Gly Thr Pro Ala Tyr	Tyr Asn Leu Asn Asn	Leu Lys Gly
1850	1855	1860	
Tyr Ser	Gly Leu Pro Ile Phe	Asp Leu Gly Thr Gly	Lys Ile Val
1865	1870	1875	
Gly Arg	Val Lys Ala Gly Ser	Asn Val Thr Glu Gly	Asn Thr Glu
1880	1885	1890	
Ile Ile	Gly Gly Thr Thr Ser	Val Leu Pro Glu Ser	Cys Asp Leu
1895	1900	1905	
Asp Ser	Thr Val Lys Glu Ile	Glu Lys Met Glu Arg	Gly Met Phe
1910	1915	1920	
Leu Ser	Val Thr Leu Ala Thr	Gly Ala Gly Lys Thr	Thr Glu Leu
1925	1930	1935	
Pro Arg	Lys Leu Ile Glu Lys	Ile Gly Thr His Lys	Arg Val Leu
1940	1945	1950	
Val Leu	Ile Pro Leu Arg Ala	Ala Ala Ile Gly Val	His Arg Tyr
1955	1960	1965	
Met Glu	Val Lys Tyr Pro His	Ile Asn Phe Asn Leu	Arg Val Gly
1970	1975	1980	
Asp Leu	Lys Glu Gly Asp Met	Ser Thr Gly Ile Thr	Tyr Ala Ser
1985	1990	1995	
Tyr Gly	Tyr Met Cys Glu Met	Glu Met Pro Lys Ile	Arg Glu Met
2000	2005	2010	

Ala Ala Thr Tyr Asn Tyr Ile Phe Leu Asp Glu Tyr His Cys Ala
2015 2020 2035

Thr Pro Glu Gln Leu Ala Ile Ile Ala Lys Ile His Arg Val Ala
2040 2055 2060

Glu Thr Val Arg Val Ile Ala Met Thr Ala Thr Pro Val Gly Val
2065 2080 2085

Val Ala Ser Lys Gly Gln Lys Phe Asp Ile Lys Glu Glu Glu Leu
2090 2105 2120

Ala Glu Val Leu Lys Gly Glu Asn Leu Gly Glu Asn Tyr Leu Asn
2125 2140 2155

Val Ala Gly Leu Lys Val Ala Arg Thr Ile Leu Lys Glu Asn Thr
2160 2175 2190

Leu Val Phe Val Pro Thr Arg Arg Gln Ala Glu Asp Thr Ala Lys
2195 2210 2215

Lys Leu Arg Gln Glu Gly Val Asn Ala Gly Phe Tyr Tyr Ser Gly
2220 2235 2250

Met Glu Pro Glu Ser Ile Val Lys Asn Thr Ser Arg Glu Pro Tyr
2255 2270 2285

Cys Ile Val Ala Thr Asn Ala Ile Glu Ser Gly Val Thr Leu Pro
2290 2305 2320

Asn Leu Thr Asn Val Ile Asp Thr Cys Leu Lys Cys Glu Lys Arg
2325 2340 2355

Val Arg Ile Glu Thr Arg Ala Pro His Ile Val Thr Gly Leu Lys
2360 2375 2390

Lys Ile Val Ile Thr Pro Gly Glu Ala Ala Gln Arg Arg Gly Arg
2395 2410 2425

Val Gly Arg Thr Lys Pro Gly Asn Tyr Tyr Lys Ala Pro Val Ala
2430 2445 2460

Val Glu Gly Glu Glu Asp Tyr His Phe Asn Leu Leu Glu Ala Gln
2465 2480 2495

Leu Tyr Gly Leu Pro Asp Gly Ile Asn Ile Thr Ala Gln Phe Arg
 2240 2245 2250
 Lys Met Asn Asn Glu Trp Ala Leu Tyr Glu Glu Asp Lys Val Leu
 2255 2260 2265
 Leu Thr Glu Leu Glu Val Cys Asn Asn Tyr Leu Leu Ser Asp Asp
 2270 2275 2280
 Leu Pro Glu Leu Thr Lys Asn Ile Leu Ala Arg Thr Thr His Pro
 2285 2290 2295
 Glu Lys Ile Glu Leu Ala Tyr Asn Cys Phe Glu Thr Pro Val Pro
 2300 2305 2310
 Ile Ile Phe Pro Glu Val Lys Asn Gly Glu Val Thr Ser Val Tyr
 2315 2320 2325
 Pro Asp Tyr Asn Leu Val Ser Tyr Lys Val Leu Lys Asp Gln Ala
 2330 2335 2340
 Pro Phe Ser Phe Tyr Cys Thr Glu Asp Glu Asp Leu Ala Leu Asp
 2345 2350 2355
 Leu Met Asn Met Glu Trp Glu Ser Pro Asn Met Glu Glu Thr Val
 2360 2365 2370
 Glu Thr Gly Lys Ala Leu Glu Lys Met Ala Lys Leu Ser Lys Leu
 2375 2380 2385
 Glu Thr Ala Leu Val Gly Gly Leu Ile Thr Tyr Ile Gly Tyr Lys
 2390 2395 2400
 Ala Leu Glu Lys Arg His Lys Pro Phe Val Glu Ala Ile Tyr Ser
 2405 2410 2415
 Tyr Gln Met Glu Glu Val Glu Asp Leu Val Leu Cys Gln Val Cys
 2420 2425 2430
 Pro Asp Asp Ile Val Pro Lys Leu Val Glu Glu Glu Val Lys Leu
 2435 2440 2445
 Asn Gln Asn Ile Ile Asp Glu Lys Ile Leu Lys Ile Lys Glu Trp
 2450 2455 2460
 Ile Lys Glu Leu Asn Cys Phe Thr Glu Ala Thr Thr Asp Arg Thr
 2465 2470 2475

Asn	Phe	Lys	Leu	Glu	Ser	Ser	Asn	Asp	Ile	Phe	Glu	Tyr	Trp	Lys
2490						2495								2498
Lys	Phe	Lys	Glu	Tyr	Leu	Tyr	Lys	Asn	Glu	Lys	Asn	Ile	Ala	Lys
2499						2500								2505
Tyr	Gly	Gly	Trp	Gly	Leu	His	Thr	Ala	Leu	His	Asn	Ser	Ile	Ser
2510						2515								2520
Ala	Arg	Leu	Gly	Thr	Glu	Val	Ala	Thr	Ala	Leu	Val	Val	Leu	Lys
2525						2530								2535
Trp	Met	Ala	Phe	Gly	Gly	Ile	Glu	Ala	Gly	Asp	Tyr	Val	Lys	Gln
2540						2545								2550
Ala	Ala	Val	Asp	Val	Ile	Val	Tyr	Tyr	Ile	Ile	Asn	Thr	Pro	Arg
2555						2560								2565
Phe	Asp	Gly	Asp	Glu	Glu	Thr	Ala	Ser	Arg	Gly	Arg	Lys	Tyr	Val
2570						2575								2580
Ala	Thr	Val	Leu	Ile	Ser	Ala	Leu	Ala	Lys	Tyr	Ile	Tyr	Thr	Asn
2585						2590								2595
Gly	Tyr	Gly	Asp	Leu	His	Ser	Leu	Leu	Glu	Pro	Ile	Leu	Ser	Tyr
2600						2605								2610
Leu	Pro	Tyr	Ala	Thr	Asn	Leu	Leu	Gln	Trp	Phe	Arg	Pro	Asn	Gln
2615						2620								2625
Leu	Glu	Asn	Val	Val	Val	Thr	Gly	His	Leu	Ile	Tyr	Lys	Leu	Phe
2630						2635								2640
Leu	Ser	Val	Lys	Thr	Gly	Ser	Asn	Lys	Gly	Leu	Val	Gly	Leu	Ser
2645						2650								2655
Ile	Ser	Ser	Gly	Met	Glu	Leu	Tyr	Ser	Met	Asn	Pro	Ile	Thr	Leu
2660						2665								2670
Cys	Val	Ala	Leu	Val	Leu	Gly	Val	Gly	Ala	Ile	Ala	Ala	His	Thr
2675						2680								2685
Val	Leu	Glu	Gln	Ser	Glu	Asn	Lys	Arg	Thr	Leu	Leu	Met	Lys	Val
2690						2695								2700

Phe Val Lys Asn Phe Leu Asp Gln Ala Ala Thr Asp Glu Leu Cys
 2705 2710 2715
 Lys Ser Asp Pro Glu Thr Ile Ile Ser Ala Val Phe Glu Thr Leu
 2720 2725 2730
 His Thr Ala Ser Asn Pro Ile Arg Val Ile Phe His Leu Tyr Met
 2735 2740 2745
 His Phe His Lys Lys Tyr Asp Ile Lys Lys Ile Ile Glu Met Thr
 2750 2755 2760
 Ala Gly Lys Asn Ile Leu Val Leu Val Val Leu Glu Cys Leu Glu
 2765 2770 2775
 Ile Met Glu Leu Asp Lys Glu Ser Lys Leu Lys Thr Leu Ser Thr
 2780 2785 2790
 Asn Tyr Ile Val Asp Trp Ile Lys Asn Tyr Leu Lys Lys Leu Lys
 2800 2805 2810
 Arg Met Ala Thr Thr His Leu Ile Lys Thr Ile Val Pro Ala Pro
 2815 2820 2825
 Phe Ser Cys Lys Val Tyr Lys Pro Ser Tyr Arg Val Lys Leu Ile
 2830 2835 2840
 Gly Gln Glu Asn Cys Thr Arg Ala Glu His Arg Cys Thr Cys Gly
 2845 2850 2855
 Ser Glu Thr Ile Val Tyr Asn Thr Gly Asn Arg Trp Glu Val Val
 2860 2865 2870
 Gln Arg Lys Gly Ser Thr Trp Cys Arg Asn Asn Ser Val Glu Arg
 2875 2880 2885
 Val Leu Ser Asp Leu Gln Asn Thr Asp Phe Tyr Asp Glu Lys Asn
 2890 2895 2900
 Asn Leu Leu Ala Ile Glu Val Asp Lys Thr Ser Thr Val Ile Tyr
 2905 2910 2915
 Glu Arg Asn Gly Lys Thr Val Ser Leu Glu Asn His Gly Glu Thr
 2920 2925 2930
 Leu Thr Gly Thr Ser Ala Val Thr Ile Ser Tyr Arg Asp Leu Val
 2935 2940 2945

Asp	Val	Phe	Asn	Gly	Arg	Tyr	Asp	Gly	Phe	Thr	Ile	Glu	Gly	Phe
2948						2950					2955			
Ser	Arg	Gly	Phe	Ile	Glu	Pro	Lys	Glu	Val	Tyr	Asn	Arg	Asn	Glu
2960						2965					2970			
Ala	Tyr	Phe	Leu	Asn	Gly	Val	Val	Tyr	Phe	Tyr	Lys	Ile	Glu	Lys
2975						2980					2985			
Cys	Gln	Ala	Ala	Thr	Lys	Leu	Leu	Thr	Asn	Asp	Asn	Ile	Lys	Lys
2990						2995					3000			
Ile	Ile	Ser	Thr	Ile	Asn	Arg	Arg	Lys	Leu	Gln	Pro	Glu	Lys	Thr
3005						3010					3015			
Pro	Lys	Glu	Phe	Leu	Ile	Asn	Trp	Tyr	Pro	Glu	Asn	Leu	Ile	Thr
3020						3025					3030			
Asp	Cys	His	Arg	Ile	Ile	Lys	Pro	Cys	Phe	Gly	Glu	Lys	Leu	Val
3035						3040					3045			
Cys	Val	Gly	Asp	Ala	Thr	His	Asp	Glu	His	His	Leu	Gly	Glu	Ser
3050						3055					3060			
Thr	Cys	Glu	Glu	Glu	Pro	Asp	Val	Trp	Val	Leu	Ala	Pro	Glu	Glu
3065						3070					3075			
Met	Thr	Val	Arg	Glu	Gly	Thr	His	Arg	Val	Ala	Gly	Gln	Val	Val
3080						3085					3090			
Lys	Val	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Lys	Pro	Asn	Glu	Arg	Lys	Ile	Gly
3095						3100					3105			
Tyr	Glu	Gln	Asn	Gln	Ile	Pro	Gly	Asn	Lys	Ile	Ser	Leu	Thr	Arg
3110						3115					3120			
Ser	Leu	Val	His	Cys	Gln	Ala	Glu	Arg	Glu	Lys	Lys	Thr	Ile	Leu
3125						3130					3135			
Ile	Phe	Gly	Asn	Pro	Arg	Leu	Met	Ser	Ala	Thr	Ala	Lys	His	Leu
3140						3145					3150			
Leu	Lys	Lys	Phe	Leu	Val	Ile	Tyr	Pro	Glu	Lys	Leu	Thr	Glu	Ala
3155						3160					3165			

Asn Gly Pro Gly Val Ser Ile Tyr Ile Gly Glu Glu Lys Phe Gly
 32175 32175 32180
 Ile Phe Asp Ile Glu Thr Lys Phe Leu Thr Ser Lys Gln Leu Lys
 32185 32190 32195
 Arg Asn Leu Thr Glu Arg Gln His Asp Leu Asn Val Glu Glu Phe
 32200 32205 32210
 Phe Ser Thr Lys Glu Ser Tyr Cys Glu Ile Pro Asp Tyr His Gln
 32215 32220 32225
 Ala Glu Asn Pro Val Phe Ile Thr Glu Glu Gln Asn Ser Gln Asn
 32230 32235 32240
 Ile Tyr His His Ile Gly Glu Lys Phe Phe Leu Leu Lys Leu Met
 32245 32250 32255
 Lys Gly Lys Gly Tyr Asn Val Met Thr Lys Gln Glu Thr Gly Phe
 32260 32265 32270
 Lys Val Lys Leu Ser Trp Asn Gly Gln Lys Glu Leu Val Arg Thr
 32275 32280 32285
 Leu Glu Pro Leu Ile Arg Glu Gln Ile Leu Asp Val Asp Ile Gln
 32290 32295 32300
 Lys Leu Lys Asn Cys His Tyr Ile Ser Thr Arg Glu Phe Ala Asn
 32305 32310 32315
 Gly Gly Trp Arg Pro Leu Asp Ala Ser Thr Tyr Asn Gly Lys Ile
 32320 32325 32330
 Pro Cys Lys Arg Glu Gly Ser Leu Thr Pro Val Gln Ala Tyr Leu
 32335 32340 32345
 Glu Leu Arg Glu Leu Lys Gln Glu Ile Lys Lys Asn Lys Gln Ser
 32350 32355 32360
 Lys Leu Gly Tyr Ser Asn Leu Lys Gly Lys Glu Trp Leu Leu Asn
 32365 32370 32375
 Arg Ile Arg Glu Pro Phe Arg Leu Met Leu Lys His Leu Ala Asn
 32380 32385 32390
 Pro Gly Gly Leu Ser Lys Gly Gly Val Arg Thr Lys Tyr Asn Tyr
 32395 32400 32405

Asn	Ile	Tyr	Asn	Lys	Lys	Ile	Cys	Gly	Leu	Met	Gln	Glu	Ile	Gly
3410						3415					3420			
Ile	Asn	Ile	Ser	Arg	Leu	Pro	Thr	Val	Arg	Ala	Gln	Cys	Ser	Thr
3425						3430					3435			
Ala	Asp	Thr	His	Glu	Ala	Ile	Arg	Thr	Lys	Ile	Asp	Lys	Glu	Pro
3440						3445					3450			
Asn	Lys	Gln	His	Pro	Glu	Leu	His	Glu	Asp	Leu	Phe	Lys	Ile	Phe
3455						3460					3465			
Leu	His	Asn	Ile	Asp	Ser	Lys	Tyr	Gln	His	Lys	Phe	Glu	Glu	Val
3470						3475					3480			
Gly	Trp	Gln	Lys	Leu	Glu	Pro	Gly	Leu	Asn	Arg	Lys	Gly	Ala	Pro
3485						3490					3495			
Gly	Phe	Leu	Glu	Asp	Ile	Asn	Lys	Leu	Gly	Asp	Tyr	Leu	Thr	Pro
3500						3505					3510			
Glu	Gly	Lys	Lys	Gln	Ile	Asp	Lys	Leu	Val	Arg	Lys	Met	Leu	Arg
3515						3520					3525			
Gly	Asp	Ile	Pro	Gln	Tyr	Tyr	Gln	Thr	Ala	Ile	Pro	Lys	Asn	Glu
3530						3535					3540			
Lys	Arg	Asp	Val	Thr	Asp	Asp	Leu	Leu	Glu	Leu	Gly	Glu	Trp	Pro
3545						3550					3555			
Gln	Lys	Lys	Pro	Arg	Ile	Ile	Gln	Tyr	Pro	Glu	Ala	Lys	Met	Arg
3560						3565					3570			
Ile	Ala	Ile	Thr	Lys	Ile	Met	Tyr	Asn	Trp	Val	Lys	Gln	Gln	Pro
3575						3580					3585			
Ile	Leu	Ile	Pro	Gly	Tyr	Glu	Gly	Lys	Thr	Pro	Ile	Phe	Asn	Val
3590						3595					3600			
Phe	Asn	Lys	Val	Lys	Lys	Glu	Trp	Asp	Gln	Phe	Gln	Lys	Pro	Ala
3605						3610					3615			
Ile	Ile	Ser	Phe	Asp	Thr	Lys	Ala	Trp	Asp	Thr	Gln	Val	Thr	Pro
3620						3625					3630			

Asn Asp	Leu Asp	Leu Val	Ala	Arg	Ile	Gln	Lys	Trp	Leu	Tyr	Lys
2633			2640					2645			
Lys Lys	Tyr His	Lys Phe	Ile	Asp	Arg	Leu	Thr	Gln	Gln	Met	Lys
2652			2655					2660			
Glu Val	Val Val	Ile Thr	Gln	Asp	Gly	Gln	Val	Tyr	Ile	Arg	Lys
2663			2670					2675			
Gly Gln	Arg Gly	Ser Gly	Gln	Pro	Asp	Thr	Ser	Ala	Gly	Asn	Ser
2680			2685					2690			
Ile Leu	Asn Val	Leu Thr	Met	Ala	Trp	Ala	Phe	Cys	Arg	Ala	Asn
2693			2700					2705			
Asn Leu	Glu Tyr	Arg Thr	Phe	Ser	Lys	Val	Ala	Lys	Ile	His	Val
2710			2715					2720			
Cys Gly	Asp Asp	Gly Phe	Leu	Ile	Thr	Gln	Asp	Tyr	Leu	Ala	Arg
2723			2729					2735			
Lys Phe	Ser Glu	Gln Gly	Pro	Arg	Leu	Leu	Gln	Gln	Ala	Gly	Lys
2740			2745					2750			
Pro Gln	Lys Leu	Leu Thr	Gly	Asn	Thr	Met	Lys	Ile	Ser	Ser	Asn
2753			2760					2765			
Phe Ser	Asp Leu	Gln Phe	Cys	Ser	His	Thr	Pro	Ile	Lys	Val	Arg
2770			2775					2780			
Leu Ser	Asn Gly	Ala Thr	Thr	Tyr	Met	Ala	Gly	Arg	Asp	Thr	Ala
2783			2790					2795			
Val Ile	Leu Ser	Lys Met	Ala	Thr	Lys	Leu	Asp	Gln	Ser	Gly	Val
2800			2805					2810			
Arg Ser	Thr Glu	Glu Tyr	Gln	Asn	Gln	Val	Ala	Phe	Cys	Phe	Leu
2813			2820					2825			
Leu Leu	Tyr Pro	Pro Asn	Pro	Leu	Ile	Arg	Arg	Ile	Cys	Leu	Tyr
2830			2835					2840			
Thr Leu	Ser Thr	Thr Val	Tyr	Asp	Lys	Pro	Asn	Pro	Asn	Lys	Pro
2843			2850					2855			
Ile Leu	Val Gln	Tyr Arg	Gly	Asp	Pro	Ile	Gly	Ala	Phe	Lys	Asp
2853			2865					2870			

Val Tyr Gly Phe Asp Leu Arg Ala Ile Glu Arg Thr Glu Leu Ser
3878 3880 3885

Lys Leu Ser Glu Leu Asn Leu Asn Met Thr Ile Leu Thr Ile Trp
3890 3895 3900

His Arg Lys Thr Ser Glu Arg Ile Leu Glu Lys Cys Leu Glu Ile
3905 3910 3915

Ala Lys Pro Ala Ser Pro Val Thr Ser Asp Arg Leu Val Glu Lys
3920 3925 3930

Lys Thr Gly Ile Ile Tyr Ile Pro Met Glu Gly His Val Ile Glu
3935 3940 3945

Gly Lys Tyr Tyr Glu Lys Leu Asp Leu Gly Val Lys Asn Glu Arg
3950 3955 3960

Ile Thr Arg Ala Ile Glu Gly Leu Glu Arg Tyr Lys Glu Gly Pro
3965 3970 3975

Ile Tyr Gly Ile Phe Tyr Lys Ile Arg Asn Leu Leu Met Met Leu
3980 3985 3990

<210> 59
<211> 1710
<212> EILRCK
<213> Nanimopala neornaeigay Rhinolophus affinis

<400> 59

Glu Ser Trp Val Glu Thr Leu Phe Ser Glu Ala Trp His Ile Leu His
1 5 10 15

Ile Leu Thr Ser Ala Ile Val Asn Ile Phe Glu Ala Leu Ile Ser Leu
20 25 30

Glu Ile Val Tyr Leu Val Ile Ile Met Leu Lys Ile Ala Arg Gly Asn
35 40 45

Leu Ile Gly Ala Val Leu Trp Cys Leu Leu Leu Ser Gly Ala Glu Ala
50 55 60

Asn Cys Ile Thr Arg Val Asp Tyr Tyr Asn Tyr Ser Leu Lys Val Glu
65 70 75 80

Lys Asn Thr Gly Asn Glu Val Thr Ala Tyr Asp Gly Thr Tyr Phe Val

88	89	95
Ile Thr Leu Lys Asp Gln Gln Pro Lys Leu Met Glu Lys Val Val Lys 110 115 118		
Val Asn Gly Asn Ala Thr Lys Asp Glu Tyr Cys Tyr Gln Ala Ile Asn 118 120 123		
Ile Thr Lys Trp Asn Arg Lys Pro Arg Lys Leu Arg Trp Cys Gly Gln 120 125 140		
Thr Phe Pro Tyr Trp Leu Gly Asp Thr Val Asn Gly Glu Ala Tyr Phe 145 150 155 160		
Gln Lys Gly Tyr Trp Val Asn Ile Thr Thr Glu Pro Arg Asn Cys Glu 165 170 175		
Leu Arg Lys Gly Val Phe Leu Ser Lys Asn Gly Ala Val Ser Cys Thr 180 185 190		
Arg Asn Gly Thr Arg Leu Val Leu Gln Leu Lys Asn Leu Asn Ser Thr 195 200 205		
Asn Lys Glu Glu Ile Pro Cys Asp Pro Ile Glu Thr Ser Ser Leu Gly 210 215 220		
Pro Ala Glu Asn Gly Ala Cys Val Tyr Thr Trp Ala Pro Ala Pro Glu 225 230 235 240		
Gly Trp Tyr Tyr Asp Lys Lys Asp Asp Tyr Trp Leu Glu Tyr Val Lys 245 250 255		
Lys Gly Gly Tyr Gln Tyr Trp Thr Gln Ile Pro Ser Leu Glu Ser Ser 260 265 270		
Ala Asn Ile Tyr Arg His Leu Leu Pro Ile Leu Ile Ala Cys Leu Leu 275 280 285		
Gly Gly Arg Leu Ser Val Trp Ile Leu Ala Met Ile Leu Ser Leu Gln 290 295 300		
Val Glu Ala Ser Glu Val Gly Ala Lys Glu Leu Ala Thr Thr Leu Thr 305 310 315 320		
Leu Trp Lys Leu Asp Trp Thr Asp Leu Leu Phe Tyr Leu Val Leu Met 325 330 335		

Val Ile Val Lys Glu Glu Leu Ile Lys Lys Met Ile Thr Leu Val Leu
340 345 350

Ile Leu Val Lys Asn Ser Pro Leu Ala Leu Thr Phe Leu Leu Val Leu
355 360 365

Arg Leu Ala Gly Gly Thr Glu Ala Leu Pro Val Gly Ile Leu Leu Glu
370 375 380

Arg Met Ser Ile Gly Glu Pro Glu Phe Gly Thr Pro Phe Ile His Tyr
385 390 395 400

Ile Trp Asp Asn Trp Lys Trp Thr Ala Leu Thr Ser Phe Ala Ala Leu
405 410 415

Asn Cys Glu Arg Thr Val Ser Ile Thr Lys Lys Leu Leu Leu Ala Thr
420 425 430

His Ile Phe Ala Leu Leu Leu Thr Gly Ile Ser Asp Tyr Ala Phe Leu
435 440 445

Val Val Leu Ala Met Leu Asn Phe Phe Ala Lys Leu Met Ile Tyr Gly
450 455 460

Leu Gly Cys Phe Leu Asn Trp Val Glu Leu Glu Lys Lys Lys Leu Leu
465 470 475 480

Ala Lys Arg Met Ala Lys Arg Lys Ile Phe Lys Asp Thr Lys Glu Glu
485 490 495

Ile Asp Asn Gly Asn Ser Asp Ser Thr Lys Phe Asn Arg Ile Glu Leu
500 505 510

Asn Gly Glu Phe Thr Pro Val Lys Leu Glu Val Leu Glu Leu Cys Arg
515 520 525

Ala Phe Ile Thr Ser Ala Met Phe Thr Tyr Tyr Lys Pro Leu Leu Tyr
530 535 540

Leu Glu Thr Thr Leu Thr Ile Val Leu Leu Thr Val His Glu Tyr Arg
545 550 555 560

Val Ala Met Ala Arg Gly Arg Ser Leu Ile His Lys Phe Leu Ser Val
565 570 575

Ala Tyr Ala Phe Tyr Leu Glu Ile Glu Gly Gly Ser Phe Ser Arg Ala

```

580                               585                               590
Ala Ile Glu Asp Phe Phe Ser Ser Pro Arg Lys Ile Met Lys His Thr
595                               600                               605

Ile Glu Asn Pro Ile Ile Lys Glu Met Trp Arg Gly Glu Thr Glu Ile
610                               615                               620

Phe Asn Glu Gly Val His Leu Ser Lys Leu Val Lys Pro Lys Glu Leu
625                               630                               635

Gly Met Asp Asp Leu Lys Arg Gly Met Cys Gly Leu Pro Thr Ile Val
640                               645                               650

Glu Asn Leu Val Ile Phe Ala Lys Glu His Arg Lys Leu Ile Val Gly
655                               660                               670

Glu Val Gly Tyr Ser Pro Thr Glu Leu Thr Glu Glu Gly Trp Glu Ile
675                               680                               685

Leu Gly Pro Gly Lys Ile Pro Lys Ile Thr Lys Ile Glu Thr Ala Lys
690                               695                               700

Met Asp Leu Leu Ser Ser Phe Met Thr Phe Ile Gly Leu Glu Thr Thr
705                               710                               715                               720

Arg Val Pro Arg Thr Pro Ile His Ser Thr Pro Lys Leu Leu Lys Ile
725                               730                               735

Val Lys Gly Leu Glu Ser Gly Trp Gly Tyr Thr His Thr Gly Gly Ile
740                               745                               750

Ser Thr Ala Lys His Val Thr Gly Glu Lys Asn Leu Met Ser His Met
755                               760                               765

Glu Gly Arg Lys Gly Lys Tyr Leu Leu Glu Asn Glu Asp His Ala Ser
770                               775                               780

Asp Glu Val Glu Tyr Gly Ile Arg Thr Asp Glu Lys Ala Pro Glu Asn
785                               790                               795                               800

Ser Leu Cys Tyr Cys Phe Asn Pro Glu Ala Ile Asn Ile Lys Gly Glu
805                               810                               815

Lys Gly Ala Leu Val Phe Leu Lys Lys Lys Ala Asn Lys Trp Thr Leu
820                               825                               830

```

Val Thr Ser Asp Gly Asn Lys Ala Tyr Tyr Asn Val Ser Asn Leu Lys
838 840 842

Gly Trp Ser Gly Leu Pro Ile Met Leu His Ser Thr Gly Thr Ile Val
850 855 860

Gly Arg Ile Lys Ala Ala Tyr Pro Thr Glu Glu Asn Phe Val Glu Glu
865 870 875 880

Leu Ile Asp Ser Lys Ile Leu Asn Thr Gly Lys Ala Val Pro Leu Glu
885 890 895

Ile Ala Val Arg Glu Leu Glu Glu Met Gly Arg Gly Glu Phe Arg Ser
900 905 910

Ile Thr Leu Gly Thr Gly Ala Gly Lys Thr Thr Glu Leu Pro Lys Asp
915 920 925

Tyr Leu Ser Ala Ile Gly Thr His Lys Ser Val Leu Val Leu Val Pro
930 935 940

Leu Lys Ala Pro Ala Glu Ser Val Cys Lys Tyr Met Lys Lys Lys Tyr
945 950 955 960

Pro Met Ile Asn Phe Ser Leu Arg Val Gly Asp His Lys Glu Gly Asp
965 970 975

Leu Glu Ser Gly Ile Thr Tyr Ala Thr Tyr Gly Phe Ala Cys Glu Leu
980 985 990

Asn Ile Ile Glu Leu Lys Glu Trp Val Ala Lys Phe Ser Met Val Ph
995 1000 1005

Phe Asp Glu Tyr His Ala Gly Thr Pro Glu Glu Leu Ala Val Ile
1010 1015 1020

Ser Lys Val Tyr Ala Ser Lys Ala Lys Ser Arg Phe Val Ala Met
1025 1030 1035

Ser Ala Thr Pro Pro Gly Thr Val Thr Thr Glu Gly Arg Lys Tyr
1040 1045 1050

Asp Ile Glu Glu Ile Gly Val Ser Thr Leu Glu Arg Asn Glu Glu
1055 1060 1065

Pro Lys His Gly Arg Leu Gly Val Ala Gly Leu Glu Val Pro Ala

1070	1075	1080
Glu Asp 1085	Leu Thr Ser Lys Asn 1080	Cys Leu Val Phe Val 1085
Lys Glu 1100	Ala Glu Glu Val Ser 1105	Lys Glu Leu Arg Asp 1110
Asn Ser 1115	His Tyr Tyr Tyr Ser 1120	Gly Leu Asp Pro Asn 1125
Glu Ala 1130	Met Thr Asn Gln Pro 1135	Tyr Thr Ile Val Ser 1140
Ile Glu 1145	Ser Gly Ile Thr Cys 1150	Pro Asp Leu Asp Val 1155
Thr Met 1160	Glu Lys Tyr Gln Lys 1165	Thr Val Asn Phe Ser 1170
Pro Phe 1175	Ile Thr Thr Ser Leu 1180	Val Arg Lys Arg Ile 1185
Glu Glu 1190	Gly Glu Arg Lys Gly 1195	Arg Val Gly Arg Gln 1200
Tyr Tyr 1205	Tyr His Pro Thr Gly 1210	Ala Ala Pro Thr Gly 1215
Leu Ser 1220	Tyr Leu Leu Leu Gln 1225	Ala Gln Glu Tyr Gly 1230
Glu Met 1235	Asn Ile Thr Gln Gln 1240	Phe Ile Leu Met Asn 1245
Gly Leu 1250	Tyr Asp Val Asp Gln 1255	Val Glu Val Arg Ile 1260
Leu Asn 1265	Lys Glu Ile Leu Leu 1270	Pro Ile Gly Ile Val 1275
Ile Leu 1280	Glu Arg Ser Thr His 1285	Pro Glu Lys Ile Ser 1290
Asn Lys 1295	Met Val Gln Gln Asn 1300	Pro Leu Val Tyr Pro 1305

Glu Gly Glu Leu Ala Arg Glu Tyr Glu Thr Tyr Asn Leu Ala Val
1315 1315 1320

Tyr Asp Lys Val Lys Arg Thr Asn Pro Gys Ala Leu Tyr Ile Met
1325 1330 1335

Ala Glu Glu Glu Lys Ile Val Asp Met Leu Gly Leu Glu Phe Glu
1340 1345 1350

Ser Leu Pro Thr Asn Leu Pro Gln Glu Val Ile Ser Leu His Ser
1355 1360 1365

Asp Ile Gly Arg Tyr Thr Lys Leu Ser Gly Leu Thr Glu Lys Phe
1370 1375 1380

Leu Leu Gly Thr Met Ile Gly Tyr Leu Gly Tyr Lys Ala Leu Thr
1385 1390 1395

Arg Asn His Val Pro Trp Val Lys Ala Glu Tyr Gln Tyr Glu Leu
1400 1405 1410

Val Asp Ser Ser Asp Thr Tyr Asp Gln Thr Tyr Ala Pro Leu Asp
1415 1420 1425

Ile Glu Met Glu Glu Leu Gly Lys Gln Lys Ser Lys Val Asn Leu
1430 1435 1440

Asn Ile Asn Ser Ala Glu Glu Leu Leu Lys Lys Thr Leu Glu Asn
1445 1450 1455

Thr Asn Asn Trp Ala Lys Gly Leu Lys Glu Val Ile Met Thr Arg
1460 1465 1470

Ile Asn Pro Glu Lys Ser Lys Lys Ile Trp Glu Lys Ile Tyr Glu
1475 1480 1485

Tyr Leu Lys Thr His Gln Lys Asp Leu Thr Thr Ala Ala Ala Trp
1490 1495 1500

Gly Thr Ala Thr Ala Leu His Asp Ser Ile Lys Ser Arg Leu Gly
1505 1510 1515

Asp Glu Val Ala Thr Ala Val Ile Leu Ile Lys Tyr Leu Ala Phe
1520 1525 1530

Gly Asp Arg Asp Leu Gln Gly Leu Ser Arg Gln Val Leu Ile Asp

1535 1540 1545

Ile Val Val Tyr Tyr Ile Met Asn Arg Pro Arg Phe Glu Gly Arg
1550 1555 1560

Arg Tyr Thr Lys Arg Lys Gly Arg Arg Leu Val Val Glu Val Leu
1565 1570 1575

Ile Gly Ala Ile Ala Ala Tyr Ser Val Ser Asn Phe Tyr Gly Val
1580 1585 1590

Ser Ile Lys Lys Ile Leu Glu Pro Ile Ser Asp Tyr Leu Pro Tyr
1595 1600 1605

Ala Thr Ala Ala Leu Gly Tyr Leu Arg Pro Thr Phe Met Glu Ser
1610 1615 1620

Ala Val Val Val Ala Ala Ser Ile Tyr Arg Ala Phe Leu Ser Ile
1625 1630 1635

Lys His Ala Glu Asn Arg Ser Leu Ile Thr Gln Ile Ala Ser Ala
1640 1645 1650

Ala Leu Glu Val Met Gly Leu Thr Pro Val Ser Ala Gly Ile Gly
1655 1660 1665

Val Leu Leu Gly Leu Gly Leu Cys Val Leu His Asn Ala Ile Glu
1670 1675 1680

Lys Asn Glu Glu Lys Arg Val Leu Ile Leu Lys Met Phe Val Lys
1685 1690 1695

Asn Phe Ile Asp Gln Ala Ala Leu Arg Gly Glu Ser
1700 1705 1710

<210> 60
<211> 3636
<212> E150K
<213> Hosingorella acnncacnc acnncacnc ncnnczlprry
<400> 60

Met Glu Lys Gln Ile Ala His Tyr Leu Lys Lys Glu Lys Gln Arg Asn
1 5 10 15

Gly Trp Thr Glu Leu Val Val Gly Glu Ser His Thr Lys Ile Thr Thr
20 25 30

Leu Ser Gly Lys Thr Tyr Arg Gly Thr Trp Glu Met Glu Lys Arg Pro

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

Thr Pro Gly Phe Ala Lys Val Gln Trp Phe Leu Lys Asp Glu Asn Ser
 290 295 300
 Thr Gly Ile Asn Gln Ile Leu Trp Gln Arg Gln Ile Asn Arg Thr Leu
 305 310 315 320
 His Gly Gln Trp Pro Asn Gln Ile Cys His Gly Met Pro Asn Gln Thr
 325 330
 Ile Thr Asp Glu Gln Leu Arg Ser Leu Gly Met Ile Asp Thr Ser Pro
 340 345 350
 Arg Thr Asn Tyr Thr Cys Cys Gln Leu Gln Tyr His Glu Trp Lys Lys
 355 360 365
 His Gly Trp Cys Asn Tyr Pro Gln Lys Gln Val Trp Ile Arg Arg Ile
 370 375 380
 Thr Ala Leu Gln Ala Asn Leu Thr Gly Ala Tyr Gln Gly Pro Gln Cys
 385 390 395 400
 Ala Val Ile Cys Arg Phe Asn Gly Ser Tyr Asn Ile Val Lys Gln Ala
 405 410 415
 Arg Asp Glu Val Ser Pro Leu Thr Gly Cys Lys Glu Gly His Pro Phe
 420 425 430
 Leu Phe Ser Gly Gln Arg Ser Asp Thr Ser Cys Leu Arg Pro Pro Ser
 435 440 445
 Thr Ser Trp Val Arg Pro Val Lys Met Asp Glu Ala Ser Leu Ala Asp
 450 455 460
 Ser Phe Ala His Gly Val Asp Lys Ala Ile Ile Leu Ile Arg Lys Gly
 465 470 475 480
 Ala Ser Gly Ile Ile Asn Phe Leu Asp Thr Ile Gly Arg Trp Leu Pro
 485 490 495
 Val Ala Glu Ala Ala Ile Val Pro Tyr Cys Glu Thr Tyr Thr Val Thr
 500 505 510
 Gly Met Tyr Val His Val Lys Asn Cys Leu Pro Arg Gly Leu Pro Lys
 515 520 525
 His Ser Lys Ile Ile Ser Pro Thr Ile Ile Tyr Leu Gly Glu Gly Asp

535
 Pro Ala His Asn Ile Gln His Leu Phe Gly Ser Gly Ile Ala Lys Trp
 545 550 555 560
 Val Leu Val Leu Leu Gly Val Leu Gly Gln Trp Tyr Gly Gln Leu Ala
 565 570 575
 Ser Thr Ile Tyr Leu Leu Leu Gln Tyr Gly Ser Gln Trp Leu Gln His
 580 585 590
 Gln Ser Leu Val Thr Gln Gly Leu Ile Pro Gly Ile Asn Ile Thr Ile
 595 600 605
 Gln Leu Pro Ala Ser His Thr Val Pro Gly Trp Val Trp Val Ala Gly
 610 615 620
 Arg Trp Val Cys Val Lys Pro Arg Trp Trp Pro Thr Gln Ile Trp Ile
 625 630 635 640
 Gln Thr Ile Val Ala Gln Val Trp His Ile Leu Lys Ile Leu Ala Ser
 645 650 655
 Ala Leu Val Asn Ile Val Thr Ala Phe Val Asn Leu Gln Leu Val Tyr
 660 665 670
 Leu Val Ile Ile Leu Val Lys Ile Ser Lys Gly Asn Leu Ile Gly Ala
 675 680 685
 Ile Leu Trp Cys Leu Leu Leu Ser Gly Ala Gln Gly Ser Cys His Lys
 690 695 700
 Arg Gln Arg Tyr Tyr Ser Ile Gln Leu Val Val Arg Gly Lys Thr Gly
 705 710 715 720
 Val Gln Lys Arg Ser Ile Val Gly Lys Trp Thr Val Ile Thr Arg Gln
 725 730 735
 Gly Arg Gln Pro Arg Leu Met Gln Gln Ile Ser Met Val Ser Asn Arg
 740 745 750
 Ser Leu Ser Gln Thr Tyr Cys Tyr Asn Arg Leu Asn Thr Ser Ser Trp
 755 760 765
 Gly Arg Gln Pro Ala Arg Gln Arg Gly Cys Gly Gln Thr Val Pro Phe
 770 775 780

Trp Pro Gly Asp Asn Val Leu Glu Glu Glu Tyr Tyr Ser Thr Gly Tyr
 785 790 795 800
 Trp Val Asn Ala Thr Gly Gly Cys Glu Leu Arg Glu Gly Val Trp Leu
 805 810 815
 Ser Arg Lys Gly Asn Val Glu Cys Glu Arg Asn Gly Ser Ser Leu Ile
 820 825 830
 Leu Glu Leu Ala Ile Lys Glu Glu Asn Asp Thr Met Glu Ile Pro Cys
 835 840 845
 Asp Pro Val Glu Thr Glu Ser Met Gly Phe Val Thr Glu Gly Thr Cys
 850 855 860
 Val Tyr Ser Trp Ala Phe Ala Phe Arg Gly Trp Tyr Tyr Asn Arg Lys
 865 870 875 880
 Asp Gly Tyr Trp Leu Glu Tyr Val Lys Lys Asn Asp Tyr Glu Tyr Trp
 885 890 895
 Thr Lys Met Pro Thr Ala Ser Ser Ala Thr Thr Met Tyr Arg His Leu
 900 905 910
 Leu Pro Leu Leu Val Ala Cys Leu Met Gly Gly Arg Ile Ser Val Trp
 915 920 925
 Ile Val Ala Met Leu Leu Ser Leu Glu Val Glu Ala Ser Glu Val Gly
 930 935 940
 Thr Lys Glu Leu Ala Val Thr Leu Thr Leu Trp Lys Met Asp Trp Thr
 945 950 955 960
 Glu Leu Leu Phe Tyr Ile Val Ile Met Leu Ala Val Lys Glu Glu Leu
 965 970 975
 Ile Lys Lys Ile Val Thr Ala Ser Leu Val Ala Leu Lys Asn Ser Pro
 980 985 990
 Val Ala Leu Ser Phe Leu Ile Val Leu Arg Leu Val Gly Gly Ser Glu
 995 1000 1005
 Ala Leu Pro Val Gly Leu Leu Leu Glu Lys Met Cys Ile Asp Glu
 1010 1015 1020
 Pro Glu Phe Gly Thr Pro Phe Leu Ile Tyr Leu Trp Asp Asn Trp

1035	1040	1045
Lys Trp Thr Val Leu Val Ser Phe Ser Ala Leu Asn His Glu Lys 1040	1045	1050
Thr Ile Lys Leu Ala Arg Lys Leu Leu Leu Ala Thr His Ile Thr 1055	1060	1065
Ala Leu Thr Leu Thr Gly Leu Ser Asp Ser Ile Phe Tyr Met Met 1070	1075	1080
Leu Ile Met Thr Asn Leu Leu Ile Lys Thr Phe Ile Tyr Leu Leu 1085	1090	1095
Gly Ala Ser Ile Asn Trp Val Glu Arg Glu Lys Lys Lys Leu Leu 1100	1105	1110
Val Lys Arg Thr Leu Ile Tyr Lys Lys Ala Ala Ile Cys Ser Gln 1115	1120	1125
Asp Gly Asn Glu Leu Glu Asn Lys Phe Asn Lys Ile Thr Val Asn 1130	1135	1140
Ala Asp Phe Thr Pro Cys Lys Leu Glu Leu Leu Glu Leu Leu Arg 1145	1150	1155
Ala Phe Leu Val Ser Leu Cys Phe Ser Tyr Tyr Lys Pro Leu Leu 1160	1165	1170
Tyr Ala Glu Thr Thr Leu Thr Val Ile Val Ile Gly Val Gln Glu 1175	1180	1185
Tyr Asn Val Ala Met Ala Arg Gly Arg Ser Val Val His Arg Leu 1190	1195	1200
Leu Ala Met Ala Tyr Tyr Ile Tyr Gly Arg Ile Glu Gly Asp Met 1205	1210	1215
Phe Gln Leu Ala Thr Ile Gln Cys Leu Leu Ser Ser Pro Arg Lys 1220	1225	1230
Ile Met Lys His Met Ile Glu Asn Pro Thr Leu Lys Lys Leu Trp 1235	1240	1245
Glu Gly Glu Thr Glu Leu Phe Asn Glu Gly Val Ser Glu Ser Lys 1250	1255	1260

Ile Val	Asn Pro	Lys Ser	Ile	Gly Leu	Glu Glu	Leu	His Lys	Gly	
1285			1270				1275		
Met Cys	Gly Leu	Pro Thr	Val	Val Gln	Asn Leu	Val	Ile Tyr	Ala	
1285			1285				1290		
Lys Lys	Asn Arg	Ser Leu	Ile	Leu Gly	Glu Leu	Gly	Tyr Pro	Pro	
1285			1300				1305		
Gly Asp	Leu Thr	Ser Arg	Gly	Trp Glu	Ile Leu	Gly	Pro Gly	Arg	
1310			1315				1320		
Ile Pro	Lys Ile	Thr Asn	Val	Glu Ser	Ala Lys	Met	Asp Leu	Leu	
1325			1330				1335		
Ser Lys	Leu Met	Thr Phe	Leu	Gly Val	Glu Ser	Ser	Arg Val	Pro	
1340			1345				1350		
Arg Thr	Pro Val	His Ser	Thr	Arg Lys	Leu Leu	Lys	Ile Val	Arg	
1355			1360				1365		
Gly Leu	Glu Thr	Gly Trp	Gly	Tyr Thr	His Ala	Gly	Gly Ile	Ser	
1370			1375				1380		
Ser Ala	Lys His	Val Thr	Gly	Glu Lys	Asn Leu	Met	Thr His	Met	
1385			1390				1395		
Glu Gly	Arg Lys	Gly Lys	Tyr	Ile Leu	Glu Ser	Gln	Glu His	Gly	
1400			1405				1410		
Ala Asp	Glu Val	Glu Tyr	Gly	Val Lys	Thr Arg	Gln	Lys Ala	Pro	
1415			1420				1425		
Asp Asn	Ala Leu	Cys Tyr	Cys	Phe Asn	Pro Glu	Ala	Thr Asn	Ile	
1430			1435				1440		
Lys Gly	Glu Thr	Gly Ala	Met	Val Phe	Met Lys	Lys	Ile Gly	Lys	
1445			1450				1455		
Lys Trp	Thr Leu	Val Thr	Ser	Asp Gly	Asn Lys	Ala	Tyr Tyr	Asn	
1460			1465				1470		
Val Asn	Asn Leu	Lys Gly	Trp	Ser Gly	Leu Pro	Ile	Met Leu	His	
1475			1480				1485		
Ser Thr	Gly Ala	Ile Val	Gly	Arg Ile	Lys Ser	Ala	Tyr Ser	Asp	

1490	1495	1500
Glu Asn Asp Leu Val Glu Glu Leu Ile Asp Ser Arg Thr Ile Ser 1505	1510	1515
Lys Ser Asn Glu Ala Asn Leu Asp His Leu Ile Lys Glu Leu Ala 1520	1525	1530
Arg Met Arg Arg Gly Glu Phe Arg Ser Ile Thr Leu Gly Thr Gly 1535	1540	1545
Ala Gly Lys Thr Thr Glu Leu Pro Arg Glu Tyr Leu Thr Thr Val 1550	1555	1560
Gly Ala His Lys Ser Val Leu Val Leu Val Pro Leu Lys Ala Pro 1565	1570	1575
Ala Glu Ser Val Cys Arg Phe Met Arg Ser Lys Tyr Pro Thr Ile 1580	1585	1590
Asn Phe Ser Leu Arg Val Gly Glu Arg Lys Glu Gly Asp Val Ser 1595	1600	1605
Ser Gly Ile Thr Tyr Ala Thr Tyr Gly Phe Cys Cys Glu Leu Asn 1610	1615	1620
Leu Val Glu Leu Lys Glu Tyr Ile Ser Arg Tyr Ser Met Val Phe 1625	1630	1635
Phe Asp Glu Tyr His Thr Ala Thr Pro Glu Glu Ile Ala Ile Ile 1640	1645	1650
Ser Lys Ile His Ala Leu Lys Val Lys Thr Arg Ile Val Ala Met 1655	1660	1665
Ser Ala Thr Pro Pro Gly Thr Val Thr Thr Glu Gly Arg Lys Phe 1670	1675	1680
Arg Ile Glu Glu Val Gly Val Ala Thr Ile Glu Lys Gly Glu Glu 1685	1690	1695
Pro Lys Arg Gly Arg Ile Ala Val Ala Gly Met Glu Val Pro Leu 1700	1705	1710
Glu Asp Leu Thr Gly Lys Asn Cys Leu Val Phe Val Ala Thr Lys 1715	1720	1725

Glu Ala 1739	Ala Glu Thr 1738	Glu Ala 1735	Lys Glu Leu Arg 1740	Ala Arg Gly Val 1740
Asn Ala 1748	Thr Tyr Tyr Tyr Ser 1750	Gly Ile Asp Pro 1755	Lys Thr Leu Glu 1755	
His Gly 1760	Met Thr Asn Glu Pro 1765	Tyr Cys Ile Val 1770	Ala Thr Asn Ala 1770	
Ile Glu 1778	Ser Gly Ile Thr Cys 1780	Pro Arg Leu Arg Val 1785	Val Ile Asp 1785	
Thr Met 1790	Glu Lys Tyr Glu Lys 1795	Val Val Asn Phe Ser 1800	Ala Lys Leu 1800	
Pro Leu 1808	Ile Val Thr Ser Leu 1810	Val Lys Lys Lys Ile 1815	Thr Arg Glu 1815	
Glu Glu 1820	Gly Glu Arg Lys Gly 1825	Arg Val Gly Arg Glu 1830	Lys Lys Gly 1830	
Lys Tyr 1838	Tyr Tyr Pro Ser Gly 1840	Val Val Pro Asn Gly 1845	Ser Lys Asp 1845	
Leu Ser 1850	Tyr Leu Ile Leu Glu 1855	Ala Glu Glu Tyr Gly 1860	Ile Leu Glu 1860	
Glu Val 1868	Asn Ile Thr Glu Tyr 1870	Phe Ile Ile Met Asn 1875	Glu Arg Trp 1875	
Gly Leu 1880	Tyr Asp Val Asp Glu 1885	Val Glu Val Arg Ile 1890	Leu Glu Arg 1890	
Met Asn 1898	Lys Glu Ile Leu Leu 1900	Pro Leu Gly Ile Val 1905	Glu Lys Glu 1905	
Ile Leu 1910	Glu Arg Ser Thr His 1915	Pro Glu Lys Val Ala 1920	Leu Leu Tyr 1920	
Asn Lys 1928	Leu Val Glu Lys Asn 1930	Pro Ile Val Tyr Pro 1935	Lys Val Glu 1935	
Glu Gly 1940	Glu Val Ser Lys Glu 1945	Tyr Asn Thr His Asn 1950	Leu Ala Val 1950	
Tyr Asp 1958	Lys Leu Lys Asp Val 1960	Asn Pro Glu Ala Ile 1965	Tyr Val Leu 1965	

1955	1960	1965
Ala Glu Glu Glu Arg Ala Thr 1970	Glu Met Met Gly 1975	Leu Glu Phe Glu 1980
Gln Asp Pro Ser Asp Leu Gln 1985	Asp Ser Val Ala 1990	Gln Leu Cys Glu 1995
Asp Ile Lys Arg Tyr Thr Lys 2000	Leu Ser Gly Ile Thr 2005	Glu Lys Leu 2010
Leu Val Gly Thr Met Val Gly 2015	Tyr Ile Gly Tyr Lys 2020	Ala Leu Thr 2025
Arg Asn His Val Pro Trp Val 2030	Ser Lys Glu Tyr Ser 2035	Tyr Glu Leu 2040
Thr Asp Ser Pro Asp Thr Tyr 2045	Gln Asn Ser Phe Ala 2050	Pro Leu Asp 2055
Val Asp Val Gln Asn Pro Gly 2060	Gln Gly Lys His Pro 2065	Glu Gln Leu 2070
Ala Asp His Gln Leu Arg Gln 2075	Leu Leu Glu Thr Gly 2080	Arg Asp Lys 2085
Ala Ile Asp Phe Leu Lys Gly 2090	Ile Arg Glu Phe Ala 2095	Ser Gly Ala 2100
Ile Asn Ser Pro Lys Ala Leu 2105	Ser Ile Trp Glu Lys 2110	Met Tyr Gln 2115
Tyr Leu Arg Lys His Gln Gly 2120	Gln Ile Ile Ala Ser 2125	Ala Ala Trp 2130
Gly Ser Ala Thr Ala Leu His 2135	Asp Ser Ile Lys Ser 2140	Arg Leu Gly 2145
Asp Glu Val Ala Thr Ala Val 2150	Ile Ile Leu Lys Tyr 2155	Leu Ala Phe 2160
Gly Glu Arg Glu Leu Ser Gly 2165	Leu Thr Arg Gln Val 2170	Leu Ile Asp 2175
Ile Ile Val Tyr Tyr Ile Val 2180	Asn Lys Pro Arg Phe 2185	Glu Gly Asp 2190

Asp Tyr Ala Lys Arg Lys Gly Arg Arg Leu Val Ile Glu Val Leu
 2238 2239 2240

Met Gly Ala Leu Ala Thr Tyr Ala Val Ser Asn Phe Tyr Gly Val
 2241 2242 2243

Ser Ile Asn Lys Ile Leu Gln Pro Ile Ser Asp Tyr Leu Pro Tyr
 2244 2245 2246

Ala Thr Ala Thr Leu Ala Phe Leu Arg Pro Thr Phe Met Glu Ser
 2247 2248 2249

Ala Val Val Val Ala Ser Ser Ile Tyr Arg Ala Phe Leu Ser Ile
 2250 2251 2252

Lys His Ala Glu Asn Arg Ser Leu Val Thr Gln Val Ala Ser Ala
 2253 2254 2255

Ala Leu Glu Val Met Gly Leu Thr Pro Val Ser Ala Gly Leu Gly
 2256 2257 2258

Val Leu Leu Gly Leu Gly Leu Cys Val Leu His Met Asn Ile Asp
 2259 2260 2261

Lys Asn Glu Glu Lys Arg Thr Leu Ile Leu Lys Met Phe Val Lys
 2262 2263 2264

Asn Phe Ile Asp Gln Ala Ala Leu Asp Glu Leu Asp Lys Leu Glu
 2265 2266 2267

Pro Glu Lys Ile Ile Leu Ser Leu Leu Glu Gly Ile Gln Thr Cys
 2268 2269 2270

Thr Asn Pro Val Arg Ala Ile Met Ile Leu Tyr Arg Val Tyr Tyr
 2271 2272 2273

Lys Gly Glu Ser Phe Thr Glu Ala Leu Ser Lys Met Ala Gly Lys
 2274 2275 2276

Ser Leu Ile Val Met Val Ile Val Glu Phe Leu Glu Leu Thr Gly
 2277 2278 2279

Gln Thr Glu Gly Gly Tyr Ile Asp Leu Ser Ala Asn Leu Leu Thr
 2280 2281 2282

Leu Leu Leu Glu Lys Leu Lys Lys Met Thr Asn Leu Ala Ile Gly
 2283 2284 2285

2420	2425	2430
Glu Ala Arg Lys Val Leu Leu	Pro Ile Pro Tyr Leu	Tyr Cys Glu
2435	2440	2445
Thr Trp Gln Ser Asp Ala Arg	Ile Lys Ala Pro Gln	Ser Tyr Asp
2450	2455	2460
Gln Val Val Val Gln Cys Lys	Cys Gly Ala Ser Ala	Arg Tyr Ser
2465	2470	2475
Phe Arg His Gly Val His Gln	Ile Leu Gln Gln Lys	Arg Thr Lys
2480	2485	2490
Trp Cys Lys Asn Phe Phe Leu	Trp Gly Pro Asn Phe	His Asn Pro
2495	2500	2505
Asp Pro Lys Arg Met Thr Phe	Tyr Gln Phe Gly Gln	Ala Lys Lys
2510	2515	2520
Cys Pro Val Val Ile Met Gly	Gln Asp Ile Thr Phe	Gly Lys Tyr
2525	2530	2535
Gly Ile Tyr Ile Lys Phe Gly	His Lys Pro Asp Gly	Gly Arg Leu
2540	2545	2550
Ile Arg Gly Thr Thr His Ala	Thr Ile Ser Arg Gln	Gln Leu Leu
2555	2560	2565
Gln Ile Leu Thr Ala Pro Ser	Gln Val Ala Ile Gly	Lys Val Lys
2570	2575	2580
Leu Thr Asp Tyr Cys Asn Gln	Lys Gly Ile Ile Asp	Arg Lys Leu
2585	2590	2595
Ala Val Leu Gln Gly Asp Lys	Ile His Phe Trp Lys	Ala His Arg
2600	2605	2610
Gly Ser Lys Ile Thr Asp Gln	Leu Thr Ile Gln Ser	Leu Thr Asp
2615	2620	2625
Asp Leu Gly Ser Gln Ile Arg	Asp Ile Thr Trp Gln	Leu Tyr Thr
2630	2635	2640
Gly Gly Thr Cys Thr Val Lys	Gly Ile Ser Leu Arg	Ser Cys Ala
2645	2650	2655

Pro Gly Gln Arg Asn Lys Ala Thr Val Leu Cys Asp Cys Thr Asp
2660 2665 2670

Val Leu Ser Pro Cys Tyr Leu Val Asn Gly Arg Arg Pro Ser Pro
2675 2680 2685

Phe Asp Val Val Glu Gly Tyr Glu Cys His His Arg Lys Pro Arg
2690 2695 2700

Ala Thr Tyr Glu Asp Leu Glu Met Glu Glu Ile Leu Lys Arg Arg
2705 2710 2715

Val Pro Val Tyr Asp Pro Leu Ser Leu Phe Asp Thr Asp Ser Lys
2720 2725 2730

Leu Leu Pro Pro Asp Thr Tyr Tyr Leu Glu Glu Asp Gln Glu Asp
2735 2740 2745

Phe Glu Tyr Ala Leu Arg Cys Trp Gly Leu Gly Val Tyr Val Thr
2750 2755 2760

Asp Gly Pro Ala Ile Ser Pro Pro Asp Ile Arg Val His His Ser
2765 2770 2775

Ser Val Leu Leu Leu Leu Thr Pro Gly Val Asp Ser Glu Leu Pro
2780 2785 2790

Leu Gln Tyr Ile Arg Cys Tyr Ser His Gln Val Glu Val Asp Ile
2795 2800 2805

Tyr Ile Arg Gly Gln Leu Leu Glu Glu Glu Asp Thr Ala Thr Glu
2810 2815 2820

Ala Glu Asp Ser Gln Glu Asp Ser Asp Glu Gly Met Gly Asp Val
2825 2830 2835

Val Ile Lys Asp Glu Asp Thr Leu Ser Thr Thr Glu Ser Ile Pro
2840 2845 2850

Pro Leu Glu Glu Glu Glu Gly Gly Glu Glu Pro Ile Thr Tyr Val
2855 2860 2865

Val Ile Arg Gly Leu Gln Glu Glu Arg Tyr Thr Ser His Leu Lys
2870 2875 2880

Leu Ser Asp Trp Ile Ser Glu Asn Ile Ser Glu Pro His Arg Val

2888	2890	2895
Glu Ile Met Leu Asp Gly Thr 2888	Val Arg Val Thr 2890	Ile Lys Glu Gly 2910
Lys Val Lys His Leu Phe Gly 2915	Val Tyr Arg Ile 2920	Glu Asn Ser Leu 2935
Glu Ala Met Phe Lys Glu Thr 2938	Ile Ala Asp Leu Pro 2940	Val Ala Thr
Glu Pro Pro Arg Gly Pro Ile 2948	Tyr Thr Ala Lys Glu 2950	Leu Ala Glu 2955
Gly Asn Ile Ala Pro Ile Glu 2960	Pro Ala Ala Asn Phe 2965	Tyr Gly Met 2970
Ile Glu Gly Arg Gly Asp Pro 2975	Met Thr Ala Phe Glu 2980	Ala Leu Ser 2985
Val Leu Arg Ser Glu Lys Val 2990	Ser Ala Lys Glu Val 2995	Lys Met Asn 3000
Thr Arg Arg Ala Glu Ala Phe 3005	Leu Asn Lys Val Arg 3010	Gly Thr Ala 3015
Glu Val Arg Ala Ser Glu Leu 3020	Thr Leu Lys Cys Leu 3025	Pro Ala Leu 3030
Gly Lys Val Asn Gly Arg Lys 3035	Leu Ile Arg Glu Glu 3040	Thr Asn Ile 3045
Pro Asn Glu Arg Leu Ala Ser 3050	Ile Met Thr Ser Ile 3055	Gly Ile Arg 3060
Leu Glu Lys Leu Pro Val Val 3065	Arg Ala Asn Thr Ser 3070	Gly Ser Lys 3075
Phe Arg Glu Ser Ile Leu Glu 3080	Lys Met Arg Lys Tyr 3085	Glu Asn Glu 3090
Glu Val Pro Gly Leu His Glu 3095	Lys Met Trp Ala Ala 3100	Phe Leu Ala 3105
Thr Ala Arg Glu Arg Leu Arg 3110	Asn Thr Tyr Glu Glu 3115	Val Thr Tyr 3120

Leu Glu Leu Glu Thr Gly Ile Asn Arg Lys Gly Ala Pro Gly Phe
 3135 3136 3137
 Phe Glu Lys Glu Ser Ser Ile Gly Glu Val Leu Glu Arg Lys Gly
 3140 3141 3142 3143 3144 3145
 Lys Ile Asp Val Val Ile Glu Glu Ile Glu Lys Gly Asn His Leu
 3155 3156 3157 3158 3159 3160 3161
 Tyr Tyr Glu Thr Ala Met Pro Lys Asn Glu Lys Arg Asp Val Leu
 3170 3171 3172 3173 3174 3175 3176 3177
 Asp Asp Trp Leu Ser Glu Asp Phe Val Thr Tyr Lys Lys Pro Arg
 3185 3186 3187 3188 3189 3190 3191 3192
 Val Ile Glu Tyr Pro Glu Ala Val Thr Arg Leu Ala Ile Thr Lys
 3200 3201 3202 3203 3204 3205 3206 3207
 Ile Met Tyr Lys Trp Val Lys Glu Lys Pro Ile Val Ile Pro Gly
 3215 3216 3217 3218 3219 3220 3221 3222
 Tyr Glu Gly Lys Thr Pro Ile Phe Glu Ile Phe Glu Lys Val Ser
 3230 3231 3232 3233 3234 3235 3236 3237
 Ala Asp Trp Ala Glu Phe Arg Asn Pro Val Ala Val Ser Phe Asp
 3245 3246 3247 3248 3249 3250 3251 3252
 Thr Lys Ala Trp Asp Thr Glu Val Thr Arg Glu Asp Leu Arg Leu
 3260 3261 3262 3263 3264 3265 3266 3267
 Val Gly Arg Ile Glu Lys Tyr Tyr Tyr Lys Lys Lys Tyr Trp Lys
 3275 3276 3277 3278 3279 3280 3281 3282
 Phe Ile Asp Asn Leu Thr Ala Met Met Glu Glu Val Pro Val Ile
 3290 3291 3292 3293 3294 3295 3296 3297
 Thr Val Glu Gly Asp Met Phe Leu Arg Val Gly Glu Arg Gly Ser
 3305 3306 3307 3308 3309 3310 3311 3312
 Gly Glu Pro Asp Thr Ser Ala Gly Asn Ser Ile Leu Asn Val Leu
 3320 3321 3322 3323 3324 3325 3326 3327
 Thr Met Leu Val Ala Phe Ser Glu Ser Thr Asn Leu Pro Ile Ala
 3335 3336 3337 3338 3339 3340 3341 3342
 Ala Ala Trp Lys Ala Cys Arg Ile His Val Cys Gly Asp Asp Gly
 3350 3351 3352 3353 3354 3355 3356 3357

2360	2365	2370
Phe Leu Ile Thr Glu Ser Glu	Leu Gly Arg Lys Phe	Ala Glu Lys
2365	2370	2375
Gly Val Pro Leu Leu Ala Ala	Phe Gly Lys Pro Glu	Lys Ile Thr
2380	2385	2390
Glu Gly Ala Ser Leu Lys Ile	Thr Ser Asn Phe Arg	Gly Ile Glu
2395	2400	2405
Phe Cys Ser His Ser Pro Ile	Arg Val Glu Thr Phe	Asn Ile Arg
2410	2415	2420
Trp Met Pro Ala Arg Pro Thr	Ala Thr Ile Leu Gly	Lys Ser Ser
2425	2430	2435
Thr Arg Leu Gly Glu Gly Ala	Thr Arg Ser Gly Glu	Glu Tyr Glu
2440	2445	2450
Lys Glu Val Ala Phe Ala Tyr	Leu Leu Met Tyr Pro	Trp Asn Pro
2455	2460	2465
Leu Val Arg Arg Ile Ser Leu	Leu Leu Leu Ser Thr	Thr Arg Pro
2470	2475	2480
Met Gly Arg Glu Glu Thr Pro	Cys Ser Asp Glu Gly	Val Lys Tyr
2485	2490	2495
Val Gly Arg Pro Ile Ala Ala	Tyr Arg Asp Val Trp	Gly His Lys
2500	2505	2510
Leu Glu Asp Val Gly His Val	Asp Glu Pro Glu Leu	Ser Arg Met
2515	2520	2525
Asn Tyr Ser Met Thr Tyr Leu	Gly Ile Trp Lys Pro	Lys Thr Ser
2530	2535	2540
Glu Arg Leu Val Glu Glu Cys	Cys Arg Leu Ala Glu	Lys Asn Asn
2545	2550	2555
Cys Val Ala Arg Ala Arg Ser	Leu Ile Lys Lys Lys	Val Lys Ile
2560	2565	2570
Thr Tyr Asp Pro Gly Ile Gly	Ala Ala Glu Val Ile	Arg Arg Trp
2575	2580	2585

Glu Glu Leu Glu Tyr Thr Arg Arg Lys Pro Glu Pro Ser Asn Ala
2690 2695 2696

Thr Ala Glu Asp Asp Ile Phe Leu Val Leu Tyr Lys Arg Phe Ser
2698 2703 2705

Lys Tyr Ile Phe Glu Lys Met Lys Phe Met Glu Arg Met Leu Ala
2706 2711 2712

Pro Tyr
2713

<210> 61
<211> 3913
<212> EITON
<213> Ransipetain zigzag Bungownnah

<400> 61

Met Asn Thr Phe Thr Phe Asn Thr Tyr Gly Gly Ser Glu Glu Gly Asn
1 5 10 15

Met Phe Phe Arg Thr Ala Pro Thr Pro Pro Gly Cys Glu Glu Pro
20 25 30

Val Tyr Thr Ser Thr Met Arg Pro Ile Phe Gly Glu Pro His Pro Pro
35 40 45

Leu His Lys His Ser Thr Leu Lys Leu Pro His Tyr Arg Gly Ile Lys
50 55 60

Thr Ile Arg Val Lys Lys Arg Glu Leu Pro Lys Lys Gly Asp Cys Ser
65 70 75 80

Asn Ser Thr Thr Ala Pro Thr Ser Gly Val Tyr Val Glu Leu Gly Ala
85 90 95

Val Phe Tyr Lys Asp Tyr Thr Gly Thr Val Tyr His Arg Val Pro Leu
100 105 110

Glu Leu Cys Thr Asn Glu Glu Arg Cys Glu Gly Ser Lys Cys Val Gly
115 120 125

Arg Met Thr Gly Ser Asp Gly Arg Leu Tyr Asn Val Leu Val Cys Pro
130 135 140

Asp Asp Cys Ile Leu Phe Glu Arg His Cys Arg Gly Glu Thr Val Val
145 150 155 160

Leu Lys Asp Ile Ser Asn Pro Leu Thr Ser Pro Leu Trp Val Gln Ser
 165 170 175
 Cys Ser Asp Asp Lys Gly Ala Lys Pro Lys Val Lys Pro Lys Asp Asp
 180 185 190
 Arg Met Lys Gln Gly Lys Ile Val Thr Lys Pro Lys Gln Thr Gln Ala
 195 200 205
 Asp Gln Lys Thr Arg Pro Pro Asp Ala Thr Ile Val Val Asp Gly Gln
 210 215 220
 Lys Tyr Gln Val Arg Lys Lys Gly Lys Ala Lys Pro Lys Thr Gln Asp
 225 230 235 240
 Gly Leu Tyr His Asn Lys Asn Lys Pro Gln Ala Ser Arg Lys Lys Leu
 245 250 255
 Gln Lys Ala Leu Leu Ala Trp Ala Ile Leu Ala Cys Leu Leu Val Val
 260 265 270
 Pro Val Gly Ser Thr Asn Val Thr Gln Trp Asn Leu Trp Asp Asn Lys
 275 280 285
 Ser Thr Thr Asp Ile His Ser Val Met Phe Ser Arg Gly Ile Lys Arg
 290 295 300
 Ser Leu His Gly Ile Trp Pro Thr Gln Ile Cys Lys Gly Ile Pro Thr
 305 310 315 320
 His Leu Ala Ala Arg Tyr Gln Leu Lys Arg Ile His Gly Met Val Asp
 325 330 335
 Ala Ser Pro Met Thr Asn Phe Thr Cys Cys Arg Leu Gln Arg His Gln
 340 345 350
 Trp Asn Lys His Gly Trp Cys Asn Trp Tyr Asn Ile Gln Pro Trp Ile
 355 360 365
 Asn Leu Met Asn Asn Thr Gln Gly Leu Leu Asn Thr Gly Asp Asn Phe
 370 375 380
 Thr Gln Cys Ala Val Thr Cys Arg Tyr Asp Ala Asp Leu Gly Val Asn
 385 390 395 400

Ile Val Thr Glu Ala Arg Thr Thr Pro Thr Ile Leu Thr Gly Cys Lys
435 410 415

Lys Gly His Asn Phe Ser Phe Ser Gly Glu Val Arg Ala Ser Pro Cys
420 425 430

Asn Phe Glu Leu Thr Ala Glu Asp Leu Leu Arg Ile Met Asp His Thr
435 440 445

Asn Cys Glu Gly Phe Thr Tyr Phe Gly Glu Gly Ile Val Asp Gly Tyr
450 455 460

Thr Glu Val Val Glu Lys Ala Arg Ser Ser Gly Phe Arg Ala Leu Thr
465 470 475 480

Trp Leu Ser Ser Lys Ile Glu Asn Thr Lys Lys Lys Ile Phe Gly Ala
485 490 495

Glu Ala Ser Pro Tyr Cys Pro Val Ala Lys Arg Val Phe Asn Ile Ile
500 505 510

Tyr Thr Asn Asn Cys Thr Pro Leu Gly Leu Pro Asp Lys Ser Lys Ile
515 520 525

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

Pro Lys Leu Pro Tyr His Val Asp Asp Phe Ile Leu Leu Ser Leu Ile
545 550 555 560

Ala Met Ser Asp Phe Ala Pro Glu Thr Ser Ser Ile Ile Tyr Leu Ala
565 570 575

Leu His Tyr Leu Met Pro Ser Asn Asp Asn Arg Arg Phe Val Met Asp
580 585 590

Leu Asp Pro Asn Lys Leu Asn Leu Thr Ala Thr Lys Ser Val Ala Ser
595 600 605

Val Val Pro Thr Ser Val Asn Val Leu Gly Glu Trp Val Cys Val Lys
610 615 620

Pro Ser Trp Trp Pro Tyr Ser Ala Glu Ile Thr Asn Leu Ile Gly Gly
625 630 635 640

Val Ile Thr Val Ala Asp Leu Val Ile Lys Thr Ile Glu Glu Leu Leu
645 650 655

Asn Leu Trp Thr Glu Ala Thr Ala Val Ala Phe Leu Ala Ala Leu Ile
 660 665 670
 Lys Ile Phe Arg Gly Gln Pro Ile Gln Ala Val Ala Trp Leu Ile Ile
 675 680 685
 Ile Gly Gly Ala Glu Ala Gln Thr Cys Asn Pro Glu Phe Met Tyr Ala
 690 695 700
 Leu Ala Lys Asn Thr Ser Ile Gly Ser Leu Gly Pro Glu Ser Leu Thr
 705 710 715 720
 Thr Arg Trp Tyr Gln Leu Thr Ser Gly Phe Lys Leu Thr Asp Ser Thr
 725 730 735
 Ile Glu Val Thr Cys Val Gly Ala Asn Met Arg Ile His Val Val Cys
 740 745 750
 Pro Leu Val Ser Asp Arg Tyr Leu Ala Ile Asn His Pro Arg Ala Leu
 755 760 765
 Pro Thr Thr Ala Trp Phe Arg Lys Ile His Thr Gln His Glu Val Pro
 770 775 780
 Arg Glu Arg Ile Met Ser Glu Ser Lys Arg Arg Tyr Thr Cys Pro Cys
 785 790 795 800
 Gly Ser Lys Pro Val Val Arg Ser Thr Thr Gln Phe Asn Pro Ile Ser
 805 810 815
 Ile Ser Thr Pro Ser Phe Glu Leu Glu Cys Pro Arg Gly Trp Thr Gly
 820 825 830
 Ala Val Glu Cys Thr Leu Val Ser Pro Ser Thr Leu Thr Thr Glu Thr
 835 840 845
 Ile Phe Thr Tyr Arg Lys Pro Lys Pro Phe Gly Leu Glu Asn Trp Cys
 850 855 860
 Lys Tyr Thr Val Val Glu Lys Gly His Leu Tyr Ser Cys Lys Phe Gly
 865 870 875 880
 Gly Asn Ser Thr Cys Ile Lys Gly Leu Ile Val Lys Gly Gln Arg Glu
 885 890 895

Asp Lys Val Arg Tyr Cys Glu Trp Cys Gly Tyr Lys Phe Ser Ser Pro
 908 909 910
 Asn Gly Leu Pro Gln Tyr Pro Leu Gly Leu Cys Glu Lys Gln Gln Ser
 918 919 920 921
 Glu Gly Leu Arg Asp Tyr Gly Asp Phe Pro Cys Cys Asn Asn Gly Thr
 933 934 935 936
 Cys Ile Asp Lys Glu Gly Ser Val Gln Cys Tyr Ile Gly Asp Lys Lys
 948 949 950 951 952 953
 Val Thr Val Lys Leu Tyr Asn Ala Ser Leu Leu Ala Pro Met Pro Cys
 968 969 970 971 972
 Lys Pro Ile Val Tyr Asn Ser Gln Gly Pro Pro Ala Pro Lys Thr Cys
 980 981 982 983
 Thr Tyr Arg Trp Ala Ser Thr Leu Glu Asn Lys Tyr Tyr Glu Pro Arg
 995 1000 1005
 Asp Ser Tyr Tyr Glu Gln Tyr Ile Ile Lys Ser Gly Tyr Gln Tyr
 1010 1015 1020
 Trp Phe Asp Leu Thr Ala Lys Asp His Val Ala Asp Trp Ile Thr
 1025 1030 1035
 Lys Tyr Phe Pro Ile Ile Ile Val Ala Leu Leu Gly Gly Arg Gly
 1040 1045 1050
 Thr Leu Trp Val Leu Ile Ala Tyr Glu Leu Leu Thr Gln Tyr Glu
 1055 1060 1065
 Val Val Gly Asp Glu Asn Ile Val Ala Gln Ala Glu Ala Leu Val
 1070 1075 1080
 Ile Gly Asn Ile Leu Met Ser Leu Asp Leu Glu Ile Ile Ser Cys
 1085 1090 1095
 Phe Leu Leu Leu Leu Ile Val Val Lys Lys Gln Ala Val Arg Arg
 1100 1105 1110
 Thr Leu Ala Leu Leu Phe His Trp Ile Thr Met Asn Pro Phe Gln
 1115 1120 1125
 Ser Val Met Ile Thr Val Val Tyr Phe Val Gly Leu Val Arg Ala
 1130 1135 1140

Glu Glu Gly Thr Lys Glu Gly	Ser Thr Ser Gly Pro Pro Ile His
1145	1150 1155
Val Val Ala Ile Leu Leu Phe	Leu Leu Tyr His Thr Val Lys Tyr
1160	1165 1170
Lys Asp Phe Asn Ile Ala Met	Ile Leu Leu Ile Thr Leu Ser Leu
1175	1180 1185
Lys Ser Ser Ser Tyr Ile His	Thr Ser Leu Tyr Glu Ile Pro Leu
1190	1195 1200
Leu Val Ala Val Ile Ser Leu	Thr Cys Ser Ile Tyr Ile Phe Asp
1205	1210 1215
Leu Glu Val Lys Ser Lys Leu	Val Ala Pro Thr Ile Gly Ile Ile
1220	1225 1230
Gly Val Thr Leu Ala Met Arg	Val Leu Trp Leu Val Arg Glu Met
1235	1240 1245
Thr Ile Pro Thr Pro Ser Val	Ser Ile Ser Leu Ile Asp Pro Lys
1250	1255 1260
Met Val Ile Ile Leu Tyr Leu	Ile Ser Leu Thr Ile Thr Val Asn
1265	1270 1275
His Asn Leu Asp Leu Ala Ser	Tyr Cys Leu Lys Leu Gly Pro Phe
1280	1285 1290
Ile Leu Ser Phe Leu Thr Met	Trp Val Asp Val Val Ile Leu Leu
1295	1300 1305
Leu Met Leu Pro Trp Tyr Glu	Leu Val Lys Val Tyr Tyr Leu Lys
1310	1315 1320
Lys Lys Lys Glu Asp Val Glu	Thr Trp Phe Glu Asn Ser Gly Ile
1325	1330 1335
Ser Thr Glu Glu Thr Ser Pro	Tyr Gly Phe Asp Phe Ser Ser Pro
1340	1345 1350
Gly Glu Gly Val His Thr Leu	Pro Met Glu Asn Lys Thr Lys Phe
1355	1360 1365

Cys Arg Thr Ala Tyr Met Thr Val Leu Arg Ala Leu Val Ile Thr	1370	1375	1380
Ala Ile Ser Ser Val Trp Lys Pro Ile Ile Leu Ala Glu Leu Leu	1385	1390	1395
Ile Glu Ala Val Tyr Trp Thr His Ile Lys Ile Ala Lys Glu Leu	1400	1405	1410
Ala Gly Ser Ser Arg Phe Val Ala Arg Phe Ile Ala Ser Ile Ile	1415	1420	1425
Glu Leu Asn Trp Ala Met Asp Glu Lys Glu Ala Ser Arg Tyr Lys	1430	1435	1440
Arg Phe Tyr Leu Leu Ser Ser Lys Ile Thr Asp Leu Met Val Lys	1445	1450	1455
His Lys Ile Glu Asn Glu Thr Val Lys Ser Trp Phe Glu Glu Thr	1460	1465	1470
Glu Ile Phe Gly Ile Glu Lys Val Ala Met Val Ile Arg Ala His	1475	1480	1485
Ser Leu Ser Leu Glu Pro Asn Ala Ile Leu Cys Ser Val Cys Glu	1490	1495	1500
Glu Lys Glu Asn Glu Lys Ala Lys Arg Pro Cys Pro Lys Cys Gly	1505	1510	1515
Ser Arg Gly Thr Glu Ile Lys Cys Gly Leu Thr Leu Ala Glu Phe	1520	1525	1530
Glu Glu Glu His Tyr Lys Lys Ile Tyr Ile Leu Glu Gly Glu Asp	1535	1540	1545
Glu Thr Pro Met Arg Lys Glu Glu Arg Glu Glu Val Thr Tyr Val	1550	1555	1560
Ser Arg Gly Ala Leu Phe Leu Arg Asn Leu Pro Ile Leu Ala Ser	1565	1570	1575
Lys Asn Lys Tyr Leu Leu Val Gly Asn Leu Gly Met Glu Leu Glu	1580	1585	1590
Asp Leu Glu Ser Met Gly Trp Ile Ile Arg Gly Pro Ala Val Cys	1595	1600	1605

Lys Lys Ile Ile His His Glu Lys Cys Arg Pro Ser Ile Pro Asp
1610 1615 1620

Lys Leu Met Ala Phe Phe Gly Ile Met Pro Arg Gly Val Thr Pro
1625 1630 1635

Arg Ala Pro Thr Arg Phe Pro Val Ser Leu Leu Lys Ile Arg Arg
1640 1645 1650

Gly Phe Glu Thr Gly Trp Ala Tyr Thr His Pro Gly Gly Val Ser
1655 1660 1665

Ser Val Met His Val Thr Ala Gly Ser Asp Ile Tyr Val Asn Asp
1670 1675 1680

Ser Ile Gly Arg Thr Lys Ile Glu Cys Glu Asp Lys Asn Thr Thr
1685 1690 1695

Thr Asp Glu Cys Glu Tyr Gly Val Lys Thr Asp Ser Gly Cys Ser
1700 1705 1710

Asp Gly Ala Arg Cys Tyr Val Ile Asn Pro Glu Ala Thr Asn Ile
1715 1720 1725

Ala Gly Thr Lys Gly Ala Met Val His Leu Arg Lys Ala Gly Gly
1730 1735 1740

Glu Phe Asn Cys Val Thr Ala Glu Gly Thr Pro Ala Phe Tyr Asn
1745 1750 1755

Leu Lys Asn Leu Lys Gly Trp Ser Gly Leu Pro Ile Phe Glu Ala
1760 1765 1770

Ala Thr Gly Arg Val Val Gly Arg Val Lys Ala Gly Lys Asn Thr
1775 1780 1785

Asp Asn Ala Pro Thr Thr Ile Met Ser Gly Thr Glu Val Ala Lys
1790 1795 1800

Pro Ser Glu Cys Asp Leu Glu Ser Val Val Arg Lys Leu Glu Thr
1805 1810 1815

Met Asn Arg Gly Glu Phe Lys Glu Val Thr Leu Ala Thr Gly Ala
1820 1825 1830

Gly Lys Thr Thr Met Leu Pro	Lys Leu Leu Ile Glu Ser Ile Gly
1838	1840 1845
Arg His Lys Arg Val Leu Val	Leu Ile Pro Leu Arg Ala Ala Ala
1850	1855 1860
Glu Gly Val Tyr Glu Tyr Met	Arg Thr Lys His Pro Ser Ile Ser
1868	1870 1875
Phe Asn Leu Arg Ile Gly Asp	Leu Lys Glu Gly Asp Met Ala Thr
1880	1885 1890
Gly Ile Thr Tyr Ala Ser Tyr	Gly Tyr Phe Cys Glu Met Asp Met
1898	1900 1905
Pro Arg Leu Glu Asn Ala Met	Lys Glu Tyr His Tyr Ile Phe Leu
1910	1915 1920
Asp Glu Tyr His Cys Ala Thr	Pro Glu Glu Leu Ala Val Met Ser
1928	1930 1935
Lys Ile His Arg Phe Gly Glu	Ser Val Arg Val Ile Ala Met Thr
1940	1945 1950
Ala Thr Pro Ser Gly Thr Val	Ser Thr Thr Gly Glu Lys Phe Thr
1958	1960 1965
Ile Glu Glu Val Val Val Pro	Glu Val Met Lys Gly Glu Asp Leu
1970	1975 1980
Ala Asp Asp Tyr Ile Glu Phe	Ala Gly Leu Lys Val Pro Lys Lys
1988	1990 1995
Glu Leu Glu Gly Asn Val Leu	Thr Phe Val Pro Thr Arg Lys Met
2000	2005 2010
Ala Ser Glu Thr Ala Lys Lys	Leu Thr Thr Glu Gly Tyr Asn Ala
2018	2020 2025
Gly Tyr Tyr Phe Ser Gly Glu	Asp Pro Ser Ser Leu Arg Thr Thr
2038	2035 2040
Thr Ser Lys Ser Pro Tyr Phe	Val Val Ala Thr Asn Ala Ile Glu
2048	2050 2055
Ser Gly Val Thr Leu Pro Asp	Leu Asp Thr Val Ile Asp Thr Gly
2068	2065 2070

Met Lys Cys Glu Lys Arg Leu Arg Ile Glu Asn Lys Ala Pro Tyr
2078 2080 2085

Ile Val Thr Gly Leu Lys Arg Met Ala Ile Thr Thr Gly Glu Glu
2090 2095 2100

Ala Glu Arg Lys Gly Arg Val Gly Arg Val Lys Pro Gly Arg Tyr
2105 2110 2115

Leu Arg Gly Pro Glu Asn Thr Ala Gly Glu Lys Asp Tyr His Tyr
2120 2125 2130

Asp Leu Leu Glu Ala Glu Arg Tyr Gly Ile Glu Asp Ser Ile Asn
2135 2140 2145

Ile Thr Lys Ser Phe Arg Glu Met Asn Tyr Asp Trp Ala Leu Tyr
2150 2155 2160

Glu Glu Asp Pro Leu Lys Ile Ala Glu Leu Glu Leu Leu Asn Thr
2165 2170 2175

Leu Leu Ile Ser Arg Asp Leu Pro Val Val Thr Lys Asn Leu Met
2180 2185 2190

Ala Arg Thr Thr His Pro Glu Pro Ile Glu Leu Ala Tyr Asn Ser
2195 2200 2205

Leu Glu Thr Pro Val Pro Val Ala Phe Pro Lys Val Lys Asn Gly
2210 2215 2220

Glu Val Thr Asp Ala His Glu Thr Tyr Glu Leu Met Thr Cys Arg
2225 2230 2235

Lys Leu Glu Lys Asp Pro Pro Ile Tyr Leu Tyr Ala Thr Glu Glu
2240 2245 2250

Glu Asp Leu Val Val Asp Ile Leu Gly Leu Lys Trp Pro Arg Ala
2255 2260 2265

Thr Glu Arg Ala Val Leu Glu Val Glu Asp Ala Leu Gly Glu Ile
2270 2275 2280

Thr Gly Leu Ser Ala Gly Glu Thr Ala Leu Leu Ile Ala Leu Leu
2285 2290 2295

Gly Trp	Val Gly Tyr Glu Ala	Leu Val Lys Arg His	Val Pro Met
2200	2205	2210	
Val Thr	Asp Ile Tyr Thr Leu	Glu Asp Glu Lys Leu	Glu Asp Thr
2215	2220	2225	
Thr His	Leu Glu Phe Ala Pro	Asp Asp Leu Asn Asn	Ser Asp Thr
2230	2235	2240	
Ile Glu	Leu Glu Asp Leu Ser	Asn His Glu Ile Glu	Glu Ile Leu
2245	2250	2255	
Glu Gly	Gly Lys Glu Tyr Val	Gly Glu Ala Tyr Glu	Phe Leu Arg
2260	2265	2270	
Leu Glu	Ala Glu Arg Ala Ala	Asn Ser Asp Lys Gly	Lys Lys Ala
2275	2280	2285	
Met Ala	Ala Ala Pro Leu Leu	Ala His Lys Phe Leu	Glu Tyr Leu
2290	2295	2300	
Glu Glu	His Ala Gly Asp Ile	Lys Lys Tyr Gly Leu	Tyr Gly Val
2405	2410	2415	
His Thr	Ala Leu Tyr Asn Ser	Ile Lys Glu Arg Leu	Gly His Glu
2420	2425	2430	
Thr Ala	Phe Ala Ser Leu Val	Ile Lys Tyr Ile Ala	Phe Ser Ser
2435	2440	2445	
Asp Gly	Val Pro Gly Met Ile	Lys Glu Ala Ala Val	Asp Leu Val
2450	2455	2460	
Val Tyr	Tyr Ile Ile Asn Arg	Pro Glu Tyr Glu Gly	Asp Lys Glu
2465	2470	2475	
Thr Glu	Asn Ala Gly Arg Glu	Phe Val Gly Ser Leu	Phe Val Ser
2480	2485	2490	
Cys Leu	Ala Glu Tyr Thr Phe	Lys Asn Phe Asn Lys	Ser Ala Leu
2495	2500	2505	
Glu Gly	Leu Ile Glu Pro Ala	Leu Ser Tyr Leu Pro	Tyr Ala Ser
2510	2515	2520	
Ser His	Leu Lys Leu Phe Leu	Pro Thr Arg Leu Glu	Ser Val Val
2525	2530	2535	

Ile	Leu	Ser	Thr	Thr	Ile	Tyr	Arg	Thr	Tyr	Leu	Ser	Ile	Arg	Lys	
2540						2545					2550				
Gly	Ser	Ser	Gln	Gly	Leu	Ala	Gly	Leu	Ala	Val	Ser	Ser	Ala	Met	
2555						2560					2565				
Glu	Ile	Met	Asn	Gln	Asn	Pro	Ile	Ser	Val	Ala	Ile	Ala	Leu	Ala	
2570						2575					2580				
Leu	Gly	Val	Gly	Ala	Ile	Ala	Ala	His	Asn	Ala	Ile	Glu	Ser	Ser	
2585						2590					2595				
Glu	Ala	Lys	Arg	Thr	Leu	Leu	Met	Lys	Val	Phe	Val	Lys	Asn	Phe	
2600						2605					2610				
Leu	Asp	Gln	Ala	Ala	Thr	Asp	Glu	Leu	Val	Lys	Gln	Asn	Pro	Gln	
2615						2620					2625				
Lys	Ile	Ile	Met	Ala	Val	Phe	Glu	Gly	Ile	Gln	Thr	Ala	Gly	Asn	
2630						2635					2640				
Pro	Leu	Arg	Leu	Val	Tyr	His	Leu	Tyr	Ala	Met	Phe	Tyr	Lys	Gly	
2645						2650					2655				
Tyr	Thr	Ala	Ala	Glu	Ile	Ala	Glu	Lys	Thr	Ala	Gly	Arg	Asn	Ile	
2660						2665					2670				
Phe	Val	Leu	Thr	Ile	Phe	Glu	Gly	Leu	Glu	Met	Leu	Gly	Leu	Asp	
2675						2680					2685				
Ala	Asp	Ser	Lys	Tyr	Arg	Asn	Leu	Ser	Ser	Asn	Tyr	Leu	Ile	Asp	
2690						2695					2700				
Ala	Val	Lys	Lys	Ile	Ile	Glu	Lys	Met	Thr	Lys	Thr	Ala	Thr	Ser	
2705						2710					2715				
Phe	Thr	Tyr	Ser	Phe	Leu	Lys	Ser	Leu	Leu	Pro	Ala	Pro	Phe	Ser	
2720						2725					2730				
Cys	Thr	Lys	Ser	Glu	Arg	Asp	Pro	Arg	Ile	Gly	Tyr	Pro	Gln	Lys	
2735						2740					2745				
Asp	Tyr	Asp	Tyr	Leu	Glu	Val	Arg	Cys	Ala	Cys	Gly	Tyr	Asn	Arg	
2750						2755					2760				

Arg Ala Ile Lys Arg Asp Ser Gly Pro Val Leu Trp Glu Thr Leu
2765 2770 2775

Glu Glu Thr Gly Pro Glu Tyr Cys His Asn Arg Gly Glu Arg Gly
2780 2785 2790

Leu Ser Asn Val Lys Thr Thr Arg Cys Phe Val Glu Gly Glu Glu
2795 2800 2805

Ile Pro Pro Ile Ala Leu Arg Lys Gly Val Gly Glu Met Leu Val
2810 2815 2820

Lys Gly Val Ser Phe Arg Ile Asp Phe Asp Lys Asp Lys Ile Leu
2825 2830 2835

Ser Thr Asp Lys Trp Lys Val Pro His Arg Ala Val Thr Ser Ile
2840 2845 2850

Phe Glu Asp Trp Glu Gly Ile Gly Tyr Arg Glu Ala Tyr Leu Gly
2855 2860 2865

Thr Lys Pro Asp Tyr Gly Gly Leu Val Pro Arg Ser Cys Val Thr
2870 2875 2880

Val Thr Lys Glu Gly Leu Thr Phe Leu Lys Thr Ala Arg Gly Met
2885 2890 2895

Ala Phe Thr Thr Asp Leu Thr Ile Glu Asn Ile Lys Met Leu Ile
2900 2905 2910

Ala Thr Cys Phe Lys Asn Lys Val Lys Glu Gly Glu Ile Pro Ala
2915 2920 2925

Thr Ile Glu Gly Glu Thr Trp Ile Asn Ile Pro Leu Val Asn Glu
2930 2935 2940

Asp Thr Gly Thr Ile Lys Pro Ser Phe Gly Glu Arg Val Ile Pro
2945 2950 2955

Glu Pro Tyr Glu Glu Asp Pro Leu Glu Gly Pro Ser Val Ile Val
2960 2965 2970

Glu Thr Gly Gly Ile Ala Ile Asn Glu Ile Gly Val Asn Pro Glu
2975 2980 2985

Ser Ser Thr Cys Gly Thr Val Phe Thr Ala Val Lys Asp Leu Cys
2990 2995 3000

Gln Thr Val Ser Asn Lys Ala Lys Asn Ile Lys Ile Gly Phe Ser
3025 3030 3035

Gln Gly Gln Tyr Pro Gly Pro Gly Val Ala Lys Lys Thr Leu Asn
3035 3040 3045

Gln Leu Ile Gln Asp Glu Asp Pro Lys Pro Phe Ile Phe Val Cys
3045 3050 3055

Gly Ser Asp Lys Ser Met Ser Asn Arg Ala Lys Thr Ala Arg Asn
3055 3060 3065

Ile Lys Arg Ile Thr Thr Thr Thr Pro Glu Lys Phe Arg Asp Leu
3065 3070 3075

Ala Lys Asn Lys Lys Leu Ile Ile Val Leu Leu Gly Asp Arg Tyr
3075 3080 3085

His Glu Asp Ile Glu Lys Tyr Ala Asp Phe Lys Gly Thr Phe Leu
3085 3090 3095

Thr Arg Gln Thr Leu Glu Ala Leu Ala Ser Ala Lys Ala Val Glu
3095 3100 3105

Lys Asp Met Thr Lys Lys Glu Ala Ala Arg Val Leu Ala Met Glu
3105 3110 3115

Glu Lys Asp Glu Leu Glu Leu Pro Gly Trp Leu His Thr Asp Ala
3115 3120 3125

Pro Lys Phe Leu Asp Ile Thr Lys Asp Asn Ile Thr His His Leu
3125 3130 3135

Ile Gly Asp Met Gln Ser Leu Arg Glu Arg Ala Gly Glu Ile Gly
3135 3140 3145

Ala Lys Ala Thr Thr Gln Ile Thr Lys Lys Gly Ser Val Tyr Thr
3145 3150 3155

Ile Asn Leu Ser Thr Trp Trp Glu Ser Glu Arg Leu Ala Ser Leu
3155 3160 3165

Glu Pro Leu Phe Arg Glu Leu Leu Ser Lys Cys Arg Pro Val Asp
3165 3170 3175

Arg Glu Thr Tyr Lys Asn Cys His Phe Ala Thr Ala Ala Gln Leu
 2232 2235 2240
 Ala Gly Gly Asn Trp Val Pro Val Ala Pro Val Val His Leu Gly
 2242 2250 2255
 Glu Ile Pro Val Lys Lys Lys Lys Thr Leu Pro Tyr Glu Ala Tyr
 2262 2265 2270
 Lys Leu Leu Lys Glu Met Val Asp Ser Glu Lys Glu Phe His Lys
 2272 2280 2285
 Pro Val Ser Arg Glu Lys His Gln Trp Ile Leu Asn Lys Val Lys
 2290 2295 2300
 Thr Gly Gly Asp Leu Gly Leu Lys Asn Leu Val Cys Pro Gly Arg
 2302 2310 2315
 Val Gly Glu Pro Ile Leu Arg Glu Lys Lys Lys Phe Asn Ile Tyr
 2320 2325 2330
 Asn Lys Arg Ile Thr Ser Thr Met Leu Ser Val Gly Ile Arg Pro
 2332 2340 2345
 Glu Lys Leu Pro Val Val Arg Ala Gln Thr Ser Thr Lys Glu Phe
 2350 2355 2360
 His Glu Ala Ile Arg Asp Lys Ile Asp Lys Lys Ala Asn Thr Gln
 2362 2370 2375
 Thr Pro Gly Leu His Lys Glu Leu Leu Glu Ile Phe Asn Ser Ile
 2380 2385 2390
 Cys Ala Ile Pro Glu Leu Arg Asn Thr Tyr Lys Glu Val Asp Trp
 2392 2400 2405
 Asp Val Leu Thr Ser Gly Ile Asn Arg Lys Gly Ala Ala Gly Tyr
 2410 2415 2420
 Phe Glu Lys Met Asn Ile Gly Glu Ile Ile Asp Ser Asp Lys Lys
 2422 2430 2435
 Ser Val Glu Gln Leu Ile Lys Arg Met Lys Ser Gly Leu Gln Phe
 2440 2445 2450
 Asn Tyr Tyr Glu Thr Ala Ile Pro Lys Asn Glu Lys Arg Ala Val
 2452 2460 2465

Val Asp	Asp Trp Met Glu Gly	Asp Tyr Val Glu Glu	Lys Arg Pro
3470	3475	3480	
Arg Val	Ile Gln Tyr Pro Glu	Ala Lys Met Arg Leu	Ala Ile Thr
3485	3490	3495	
Lys Val	Met Tyr Asn Trp Val	Lys Gln Lys Pro Ile	Val Ile Pro
3500	3505	3510	
Gly Tyr	Glu Gly Lys Thr Pro	Leu Phe His Val Phe	Asp Lys Val
3515	3520	3525	
His Lys	Glu Trp Lys Asn Phe	Asn Ser Pro Val Ala	Val Ser Phe
3530	3535	3540	
Asp Thr	Lys Ala Trp Asp Thr	Gln Val Thr Pro Lys	Asp Leu Leu
3545	3550	3555	
Leu Ile	Ser Glu Ile Gln Lys	Tyr Tyr Tyr Lys Lys	Glu Tyr His
3560	3565	3570	
Arg Phe	Ile Arg Asn Leu Thr	Glu Lys Met Val Glu	Val Pro Val
3575	3580	3585	
Val Cys	Glu Arg Gly Asn Val	Tyr Ile Arg Glu Gly	Gln Arg Gly
3590	3595	3600	
Ser Gly	Gln Pro Asp Thr Ser	Ala Gly Asn Ser Met	Leu Asn Val
3605	3610	3615	
Leu Thr	Met Ile Tyr Ala Phe	Cys Lys Ala Asn Ser	Ile Pro Tyr
3620	3625	3630	
Ser Ala	Phe His Arg Val Ala	Lys Ile His Val Cys	Gly Asp Asp
3635	3640	3645	
Gly Phe	Leu Ile Thr Glu Lys	Ser Phe Gly Glu Ala	Phe Ala Ile
3650	3655	3660	
Lys Gly	Pro Gln Ile Leu Met	Glu Ala Gly Lys Pro	Gln Lys Leu
3665	3670	3675	
Ile Gly	Glu Phe Gly Leu Lys	Leu Ala Tyr Lys Phe	Asp Asp Ile
3680	3685	3690	

```

Glu Phe Cys Ser His Thr Pro Ile Lys Val Arg Trp Ala Asp Asn
3695                               3705

Asn Thr Ser Tyr Met Pro Gly Arg Asp Thr Ala Thr Ile Leu Ala
3715                               3725

Lys Met Ala Thr Arg Leu Asp Ser Ser Gly Glu Arg Gly Thr Glu
3735                               3745

Gly Tyr Glu Leu Ala Val Ala Phe Ser Phe Leu Leu Met Tyr Ser
3755                               3765

Trp Asn Pro Leu Val Arg Arg Ile Cys Leu Leu Val Met Ser Thr
3775                               3785

Ile Asp Thr Lys Glu Ala Ser Glu Asn Asn Thr Ile Tyr Thr Phe
3795                               3805

Arg Gly Asp Pro Ile Gly Ala Tyr Thr Glu Val Ile Gly Tyr Arg
3815                               3825

Leu Asp Glu Leu Lys Glu Thr Glu Phe Ser Lys Leu Ala Glu Leu
3835                               3845

Asn Leu Ser Met Ala Ile Leu Glu Ile Tyr Asn Lys Asn Thr Thr
3855                               3865

Lys Arg Leu Ile Glu Asp Cys Val Lys Leu Gly Asn Glu Asn Lys
3875                               3885

Glu Ile Leu Val Asn Ala Asp Arg Leu Ile Ser Lys Lys Thr Gly
3895                               3905

Tyr Thr Tyr Glu Pro Thr Ala Gly His Thr Lys Ile Gly Lys His
3915                               3925

Tyr Glu Glu Ile Asn Leu Leu Lys Asp Thr Pro Glu Lys Thr Val
3935                               3945

Tyr Glu Gly Thr Glu Arg Tyr Val Pro Gly Pro Ile Arg Asp Phe
3955                               3965

Ile Leu Arg Arg Leu Lys Ile Leu Glu Ile Val Gly Leu Lys Phe
3975                               3985

```

ФОРМУЛА ВИНАХОДУ

- 5 1. Виділений полінуклеотид, здатний індукувати імунну відповідь на свинячий пестивірус, який містить нуклеотидну послідовність SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2, або послідовність, яка щонайменше на 80 % їм ідентична.
2. Полінуклеотид за п. 1, який є інфекційним полінуклеотидом.
3. Полінуклеотид за п. 1 або 2, який **відрізняється** тим, що зазначений полінуклеотид є присутнім у клітині.

10

4. Полінуклеотид за будь-яким із пп. 1-3, який **відрізняється** тим, що із зазначеним полінуклеотидом функціонально зв'язаний промотор РНК-полімерази.
5. Полінуклеотид за будь-яким із пп. 1-4, який **відрізняється** тим, що зазначений полінуклеотид додатково містить екзогенний полінуклеотид.
- 5 6. Полінуклеотид за будь-яким із пп. 1-5, який **відрізняється** тим, що зазначений полінуклеотид є присутнім у векторі.
7. Полінуклеотид, який являє собою кДНК з послідовністю SEQ ID NO: 1 або який має щонайменше 80 %, щонайменше 85 %, щонайменше 90 %, щонайменше 95 % гомології з SEQ ID NO: 1.
- 10 8. Інфекційний полінуклеотид, який містить послідовність, вибрану з групи: SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 29 або будь-які їх комбінації, або послідовність, яка щонайменше на 95 % їм ідентична.
- 15 9. Композиція, яка містить свинячий пестивірус, що має нуклеотидну послідовність SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2, або послідовність, яка щонайменше на 80 % їм ідентична.
10. Композиція, яка містить свинячий пестивірус, що містить амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 3 або послідовність, ідентичну їй щонайменше на 80 %.
11. Композиція, яка містить свинячий пестивірус, що містить одну або більше амінокислотних послідовностей, вибраних із групи, що складається з SEQ ID NO: 4 (Npro), SEQ ID NO: 5 (Core),
20 SEQ ID NO: 6 (Erns), SEQ ID NO: 7 (E1), SEQ ID NO: 8 (E2), SEQ ID NO: 9 (P7), SEQ ID NO: 10 (NS2), SEQ ID NO: 11 (NS3), SEQ ID NO: 12 (NS4A), SEQ ID NO: 13 (NS4B), SEQ ID NO: 14 (NS5A) і SEQ ID NO: 15 (NS5B).
12. Композиція за будь-яким із пп. 9-11, яка **відрізняється** тим, що свинячий пестивірус інактивований або ослаблений.
- 25 13. Композиція за п. 12, яка **відрізняється** тим, що зазначений пестивірус являє собою хімічно інактивований вірус, який специфічно інактивований шляхом обробки інактивуючим агентом, вибраним із групи, що складається з бінарного етиленіміну, етиленіміну, ацетилетиленіміну, бета-етиленіміну, бета-пропіолактону, глутаральдегіду, озону та формальдегіду.
14. Композиція за п. 12, яка **відрізняється** тим, що зазначений пестивірус являє собою фізично
30 інактивований пестивірус, який інактивований обробкою ультрафіолетовим випромінюванням, рентгенівським випромінюванням, гамма-випромінюванням, заморожуванням-відтауванням і/або нагріванням.
15. Композиція за п. 12, яка **відрізняється** тим, що зазначений пестивірус ослаблений шляхом модифікації генів Npro, Erns або N2-3.
- 35 16. Композиція за будь-яким із пп. 9-15, яка містить пестивірус у ліофілізованій формі.
17. Композиція за будь-яким із пп. 9-16, яка містить TCID₅₀ щонайменше приблизно 1x10⁴.
18. Вектор на основі свинячого пестивірусу, який містить нуклеотидну послідовність SEQ ID NO: 2 або послідовність, яка щонайменше на 80 % їй ідентична, і послідовність, що кодує гетерологічну послідовність.
- 40 19. Вектор за п. 18, який **відрізняється** тим, що зазначена гетерологічна послідовність вибрана з вірусу, вибраного з групи, що складається з APPV, NRPV, свинячого цирковірусу 2 (PCV2), вірусу Bungowannah, вірусу вірусної діареї великої рогатої худоби (BVDV), зокрема BVDV-1, BVDV-2, вірусу класичної чуми свиней (CSFV), RaPV і вірусу примежевої хвороби, причому, зокрема, зазначена гетерологічна послідовність кодує поверхневий антиген із зазначених
45 вірусів.
20. Вектор за п. 18 або 19, який **відрізняється** тим, що гетерологічна послідовність вставлена в область 5'- або 3'-кінця Npro.
21. Вектор за будь-яким із пп. 18-20, який **відрізняється** тим, що зазначена гетерологічна послідовність кодує злитий пептид з білком Npro, E2 або E1 пестивірусу.
- 50 22. Химерний пестивірус, що містить нуклеотидну послідовність, яка щонайменше на 80 % ідентична SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2, і чужорідний поліпептид.
23. Вакцина для тварин, яка містить полінуклеотид за будь-яким із пп. 1-8 або композицію за будь-яким із пп. 9-17, або вектор за будь-яким із пп. 18-21, або химерний пестивірус за п. 22.
24. Спосіб захисту поросяти від захворювання, асоційованого з пестивірусом, при цьому зазначений спосіб включає введення супоросній свиноматці, відлученому поросяті, ремсвинці або свиноматці, або ремсвинці до розмноження композиції згідно з будь-яким із пп. 9-17, в кількості, достатній для захисту поросяти.
- 55 25. Спосіб за п. 24, який **відрізняється** тим, що захворювання являє собою вроджений тремор, зокрема вроджений тремор A-II.

26. Спосіб за п. 24 або 25, згідно з яким композицію вводять парентерально, зокрема внутрішньом'язово, підшкірно, внутрішньошкірно або внутрішньовенно, з використанням голки та шприца або безголкового ін'єкційного пристрою; або шляхом введення через слизову оболонку, зокрема через ніс або через рот.
- 5 27. Спосіб виявлення пестивірусу, в якому зразок тестують за допомогою ЗТ-ПЛР з використанням щонайменше одного праймера, вибраного з SEQ ID NO: 32 і SEQ ID NO: 33.
28. Діагностична тест-система для виявлення пестивірусу, яка містить щонайменше один праймер, вибраний з SEQ ID NO: 32 і SEQ ID NO: 33.

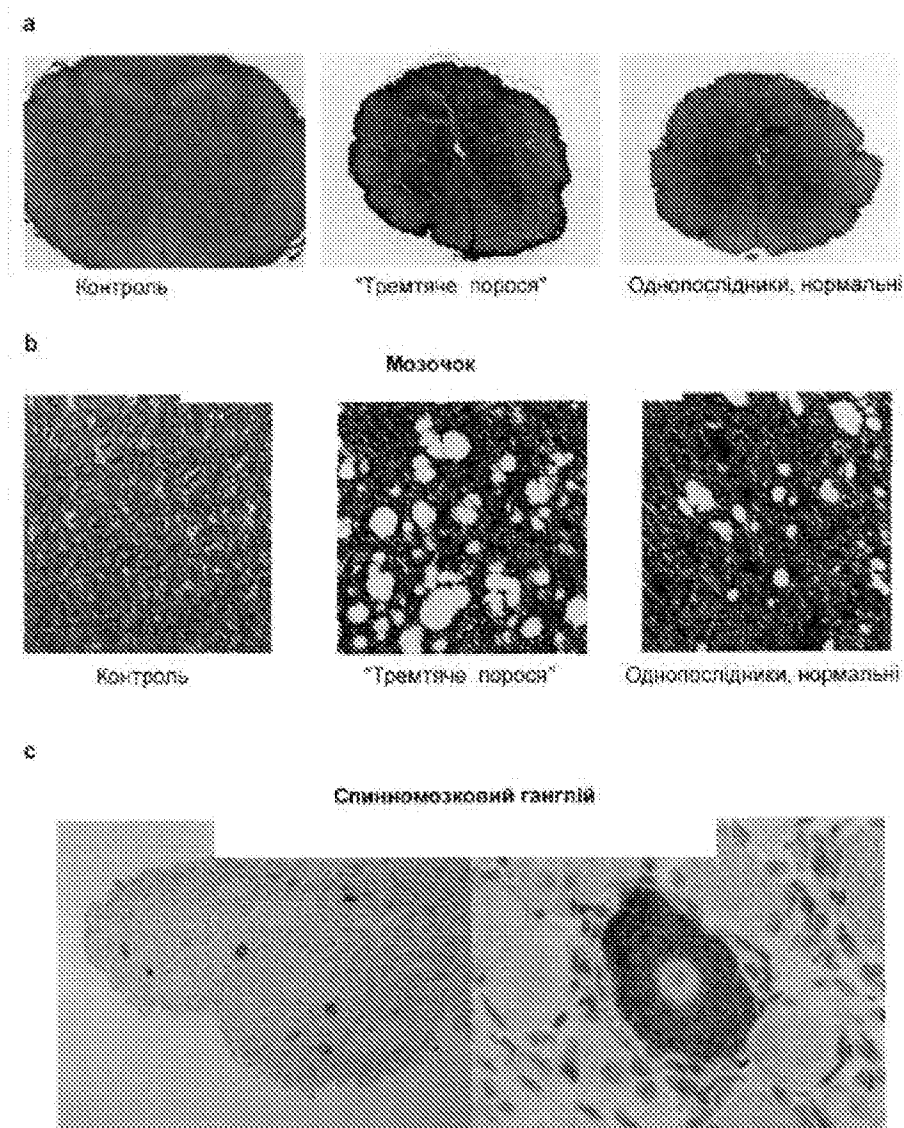
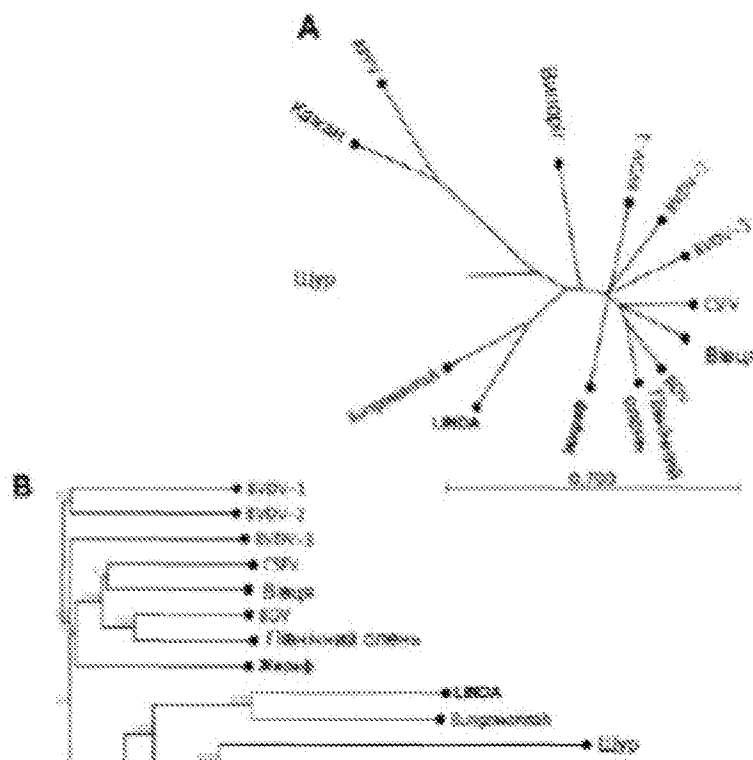
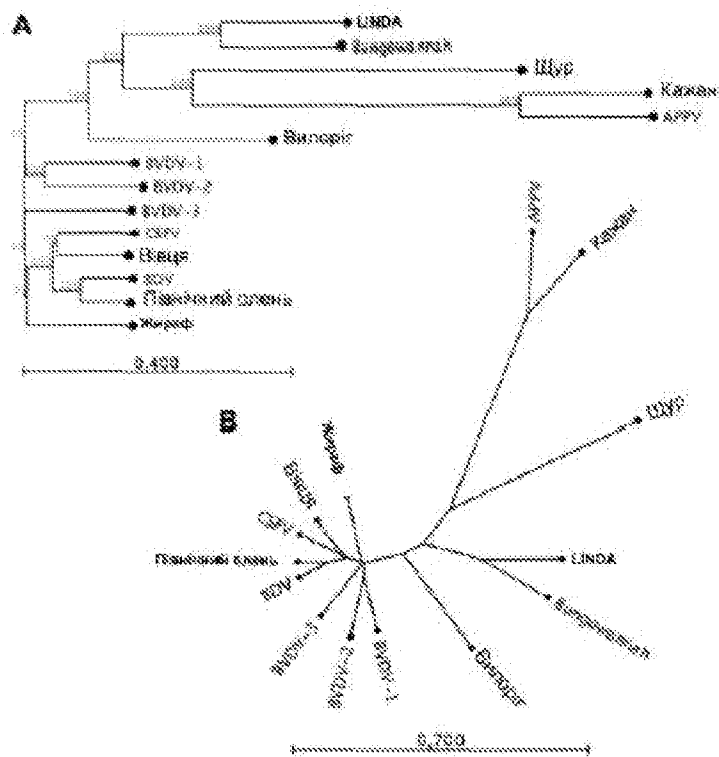


Fig. 1



99.2

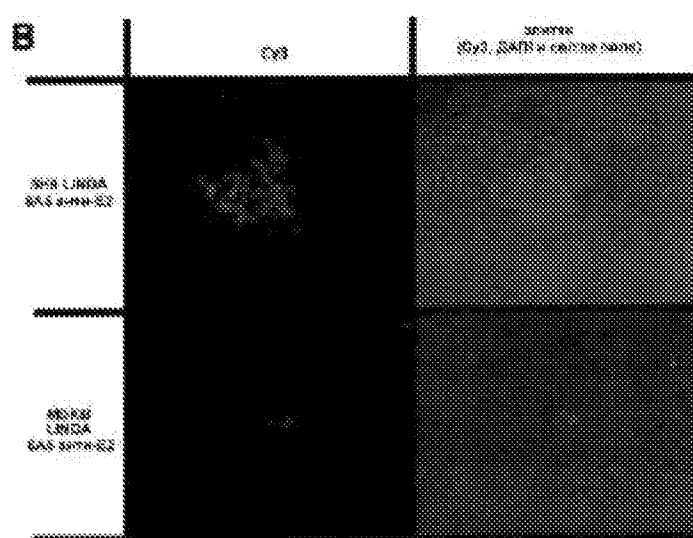
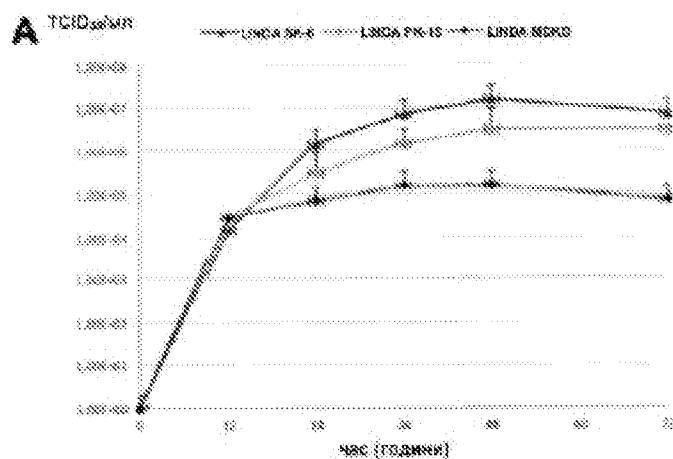


Chir. 3

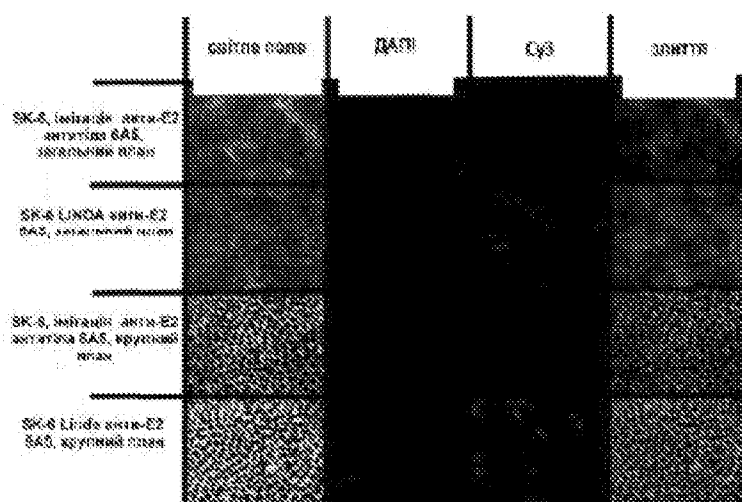
[illegible]

Qir, 4

Фиг. 4 продолжения



Фиг. 5



Фиг. 6

SEQ ID NO 1

GTATAGCAGCAGTAGCTCAAGGCTGCTATACGATTGGACATACCAAAATTC
 CAATTGGTGTAGGGACCACTAGGTTGAAGGGCCGACGACAGGTAGCCATT
 CCTGTAGTAGGACCAACCGTTATGGTGGACTGCTTGGTCAGGTGAGCAE
 OCTGCAATGCGTAAATGGTGAGTACACCACAGCCCGTCAAAAGGTGGCACTG
 GTAAAGGATCACTCACTGGCGATGCTTGTGACAGGGGGGCTTGGCAACGCT
 AATGTTAGCGGTGGGGGGGGCTGGCATGCTGTAAGGCTAGGTTCTGATGGA
 CTTTGTGTGCTGTAGAGTCTGATAGGATGGGGGGGATGGCTGTGACAG
 CCAATATAGGAATATCGCTTGTGATTGGCATGGAGTTTAAAAATCTCA
 ACAAACAAAGAAAAAATAATAATGAGGAGGAGCTGAGGGGCAACATG
 TTCTGGCGGATGTACCGAAGACCTCGGCTGGTTTGGTACGAAACCACTTA
 CACGCTAAGTGGGACAGCTAGCTTGGACCCATGCAACCCACCTAGGGA
 AAGGCACTAGATTACCTTACCGCACTGGAGAGGCTATGCCACGGTTGGG
 TGTGAGCTTAAAAACCTGGCAGGCAAGGCTGATTGTACTAAGTGGCAGGC
 TAAACCAACATCTGGCATCTACCTCAACCTGGGTGGGTGTTTATAAAG
 ATTACGAGGGGGAGGTATACCATAGAGTCCCCCTTGAACACTGTGAGGAA
 CACGAGAGGTGGGAAGTGGTGAAGGCTGTAGGGAGAAATGACTGCTAGCGA
 TGGATCTTGGCTGGGATGCTAGTATGCACTGACGACTGGCTGCTGTTTG
 AGAGAGGAAGAGGGGGAACACACAGTGTGAAAGTGGGTAAAGAACCTATG
 GGGGGGCACTTGGGTACAGAGCTGCTGGGACGAGAAGGGGGGCAACCC
 AAAAAACAGTCTAAGCAACAAAGGATGGATGGACCCGGGTAAATGG
 TGACAAACCTTAAGCAAGTGGAGGCTGATCAGAAAGCTAGACCCGACAGC
 GCTACATTTGTGGTGGATGGACAGAAATATCAAGTAAGGAAAGAAAGGAA
 GGCAGAAACCAAGACACCAAGTGGCTGTACCAACAAATAAAAGCAAGCCGG
 AGGCATCTAGAAAGAAATAGAAAGGCGCTACTAGCTTGGGCACTCAT
 GCAATATATTTGATTGAGGACACACAGCAACAAATGTGACCCAGTGGAA
 CTTGTGGGAGCAGAAAGGCAACAGATGTGCACTGAGTGTGATCAGAG
 GACAAATCAAGCGCAGGCTGCAAGGCACTGGGCTGAAAGCAATGCAAA
 GGGGTCCAGGTGCTGTGGTACTGACTATGAGCTAAAGCGGATAGAGGG
 GATGTTGGATGCCAGCGAAAGGTAATTTTACCTGTTGCAAGGCTGCAAA
 GACAGGAATGGAAACAAACATGGCTGGTGTAACTGGTACAAATATAGACCC
 TGGGTGGCATTATGAACAGGACCAAGCCCTTCTATCTAGTGGGCAAAA
 CTTTACAGATGTGGCTTACATGTATGATGACACAGAACAGCAGATAA
 ACATAGTAACTCAAGCCCGCATGACAGCAACGATTTTAAAGGGTGTAAAG
 AAGGACCTAAACTTCTCTTCTCAGGGGAGGTGAGGACTGGGCTTGCAG
 CTATGAAGTGAAGGCAAGGACTTAAAGGATTTCTGAGGATAGGAACT
 GCAAGGATTTAGCTATTTGGAAGAGGCTCTGTTGATGATTTGACAGAA
 GGCAGGAGAAATTAGATCTAGTGGGTACAGGCCCTGTGCTGTGCTGCA
 AGAGAGGTAAGAGAAAGTAAGAAAGGCTGTTTGAAGCTGAAGGAAAGC
 CATACTGCAATGTGACAGGAGGCTTTTCAAGATCATATACAGCAAGAG
 TGCACCCCGCTGGACTGGCAGATAACAGAGGATAGTTGGGCGAGGGAG
 ATTTGACATGAGTGAATGGAAATAAAAAAGTGTACCCAACTTGGACT
 AGGACTTGGCAGATTTGATGGTACTGGGCTTATGGCTTTATGCACTTT
 GCGCGAGAAAGTGGTACTAGCAATCTATCTGATTTGCACTACTGGGTGGC
 TGAGGAGAGGCTGATACATTGGACAGCCGACTTGACAGCAACAGGCTGA
 ATCTAAGAAAGGAGCAGGCACTTATGATGTAGTCCCTAATTGAATATGG
 TTGGAGGGGCAAGCTGGTGTGCTCAAGGCAAGGTTGGGCGCTACTGAGC
 AGAAATTACAGAGTGTATTAGGGGACTGACCACTGTAAAGGAGCTAGTGG
 TCAAGACCATAGAGCAAGTGTGAGCTTGTGGAGAGAGGCAACAGCAGTA
 GCTTCTTGGCAGGCTGTAAAGATCTTCAAGGAGAGGCAATACAGGAG

Dir. 7

TAGCATGGCTCATATATATAGGGGGAAGCCAGGGTCTTGAATGCAACT
 TCGAAGTGGCAATACGGCTCTGGCCGGGAACACATCCATGAGCCCTAGTGGG
 CGAAGTGGCTTAAAGACTGAATGGTACCAAGCCGGCAGAGCGGGTCAAAAT
 AACGGATGGGGTAGTAADTGTGATATGCAAGCAAGGGCAATTTCTGGGTGA
 CTCTAGGGTGCAGAGGGCAGCTGTAAAGGTACCTGGCAATGAACDAGCCGC
 AGGTCTTATCAAGCAGTGGTGGTTCAGAGAAATACAGACCGCGGAGAG
 CCAATCGGAGTGAAGACAGTGTGTGGGGAAAGGGCAAGGGCCATAGCTGTGGC
 GTTGGCGGGGTAGACCACTAGCAAAAGCCCAAGGTGGGTTCAGCGCAATG
 ACAATAGAGGGTGGGGGTCTCTCCCTAAGATGCCAAAAAAGCTGGCAAGG
 TGACATAGAAATGCAATCTTTAAGGGCAGACACACTAGGAATTAAGAAACA
 TATACAGCTTCAGAGAAACATAGCCATACAGAGAGAGAGAGCTACTGCTGG
 TACACTAGGTAGTGGACGGTACTTGGCCAGCTGGCACTATGGGGGGA
 TGATACATGTGTGGCAGGAGATATATCAATGGCACTCAAGATGACAGTG
 TGACCAAGTGCAGAAATGGTGTGGGTATGAGTTCAGTTCAGCAAGCTGAGTTA
 CCTGACTAGCCAAATTGGTTACTGCAAGGAGCGAGGGCAGCAATTAATTAAT
 CAGGTACAGAGCAGGTGGCTTGTGAGGTAGGAGGAGTCCGCATCGGGTCAG
 GAAAGTAGAGTGTAGCAATTTGGCTGGCAAGAGTAAAGTACAGAGCAAGG
 AGTAATGAGTTGGGTCCGATGGCTGGCAAGCCAAATAGTATATTCATGTA
 AGGACCGGCTAATCCAAAGAGGTGACATTCAGATGGAGGTACACATTAG
 ACAAGAGTACTAGGAGCCAGGGGATGAATTTCTTCAAGCAGTACATAGCC
 TCAGGTGGCTATCAGTATTTGGTTTCAAGCTGACAGCAAGAGATCAGGTGAT
 GGATTTGGTAAACAGCATACCTTCCCAATATAGTTGTAGCATTACTGGGGG
 GTAGAGCAGTGGCTGTGATCTCAATTTGGTACGAGTGGCTAAATCACTAC
 CAGGTGGGGCGAGACCAAGACACATTTGGTGGCAGGGCGAGGCACTAGTAT
 AGGTAACTGCTGTATGACAGAGAGCCTGGAGGTGATGGTGTGGCTTCTGT
 TGGTGTGGTGTGTGATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG
 GTTTTCCATTTGGATGGTAAATGGATGCGGGCGCAATCAGCCATGGCAAGAT
 GGTGTAGGTAAATAGGCACTGTGAGAGCTGAGAGGGGAGAGAGGTAACTGTG
 ACAGTTCTAGCCAGAGCAGCTGGTGGCCATTTTGTGTCTTCTAATTTAC
 CACACACTAAAGAGAGAGAGAGCTTACACAGGTATGACATTACTGTGAG
 ATTTTCCATAAGAGAGCAGTACTATGTAGACACACATTTATTAAGAAATAG
 CGATGCTCTTACAGTTATTTGGTGGTCAATTTCCATTTACATATTCAG
 ATACACATAAAAGCAAGTGGGTAGCTCTGGTGGTCAATGTGGTGGTGGT
 GGTCACTTTATAGAGTGGCTTTGGTTGATGAGGAGACATACAAATAGAG
 CCGCTTGGATACCACTAAGATACATCAGTCCAAAAATATTGATCATAGCT
 TACGTGGTCTCTGAGTGTCTTGGTAAATAGCAAGCTAGAGCTTGGCCAG
 CTAGGTGATCAGGGGTGGGGCGGATACATATGTGCTACTTAAGCTTATGGG
 TGGACATCCTGATGTTGGTAGTTCTACTAGCTTGGTATGAATTAATTAAG
 GTCTATTAGCTAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG
 CAGCGGGATAGGCACTCAAGGCTTATCGGGTACAAATCAGGAGTTGGTGG
 ACCCAAAAGAGGGGGTACACTTGGATCCCTCAGCAAGCAAGAGCAATTTG
 ACCCGGAGCCGATATCTGACTATCCTGAGGGCCCTAGTTCTCAGAGCTTT
 CAGCAGCATTTGGAGGCTCTAATCTAGCGGAGCTGCTATTTGGAATCCA
 TTTATTTGACACACATCAAAATTTGGCAAAAGAGGTGGGGGATCTAGGAGG
 CTATAGGTAGGTGTGAGGGGGCTGTAGAGAACTAAATTTGGTGTGGA
 TGACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG
 TGAGAGAGCTCATGTTAAAGCAGAGGTGCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG
 TGGTTTGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG
 CAGAGCAGACTCACTGACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG
 GTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG
 AACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG
 AAAATATTACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG
 ATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG

Фиг. 7 продолжения

TTCTTGAAGAACTTACCGATTCTGGCCACAAAAACAATATATACCTGT
 AGGTAACTTACCTATCCGATTACAAAGACCTTGACTCCATCGGGCTGATT
 TCAGGGGCGCCAGCTGTCTSCAAAAAGATATGTCACCATGAAAGCGTGCAGG
 CCGACCATCCCTGATAAACTTATGGCTTTCTTTGGGGCTCATGCCAAGAGG
 CGTAGTCCCGGGGSCACCAAGCCGCTTCCCTGTATCATTAAGTGAATTA
 AAGGGGGTTTCGAAACGGGGTGGGCTATACACACCCCTGAGGGGATCAGC
 AGCGTAATCCATGTAAACACAGCGCTTGGACATGTACGTCGAATGATGCCAT
 GGGTAAAGCTAAGGCTGCACTGGCCAAAGAGAGAAACAGCTGACAGAGGAAT
 GTGATATGGGCTTAAAGCTGACTCAGGGCTGCTCTGAAGGGGACAGGCTGC
 TATGTAAATATATCCGGAAGCGCTCAACATAGCAGGGACCGAGGGGGCTAT
 GGTACAGCTGCACAAAAAGCGGTGAGAAATTACCTGTGTGACAGGGCAAG
 GAGCGCCAGCGCTTCTACAAATTTGAGGGAATCTTAAAGGTTGGTCAAGGCTA
 CCAATATTCGAGGCAAGCTACGGGGAAGGGTGGTAGGCAGAGTGAAGGACAGG
 CAGCAATGACAGAGGATAGTCCACAACTATATGTCTGGGACCCAGGACAG
 CCAAGCGGACAGAGTGTGAGCTGGAGTCCGTCGTAAAGGAGGCTGGAAGCC
 ATGACACAGAGCGGAGTTCAAGGACGCTGCTCTAGCAACTCGCGGACGGAA
 GACAAACAGAGCTGCCAAGGGAAGCTAATAGAAAGCGGTGGGGCGGACAAAG
 GGGTTTATGCTTAATCCCGCTGAGAGCAGCAGCAGAGGGGGGTTATAGC
 TATATGAGAAACAAAGCATCCAGCATAGCATTCAGCTGAGGATAGGGGA
 CTTAAAGAGAGGGAGATGACACTGTTATTAATTTATGGCTCATATGGTT
 ATTTTGTCAATGGACATGCCACGGCTAGCATGACGCTATGAAGGGATAC
 AACTACATATTCCTGAGCAATATGCTATGTGCAACAGCAGAGCAATTTGGC
 TGTCATGTCAAAATACAGAGGATCAGTGGCTGAGCTAAGAGTGGTGGGCA
 TGAGGCTGAGCGCTGCGGCGCTGTGTGAAAGGTTGGGTCAGAAATTCCTCC
 ATAGAGAGAGTGTGTGTGTGAGAGGCTAATGAAGGGGGAAGAGCTTAGGGCA
 GGAATTTATGAGCATAGCGGAGCTAAGAAATACCAAAATCGGAACACAGAG
 GGAATGCTTAAGGTTGTTCGGACAAAAAGTTGGGCTCAGAGACTGCT
 AAGAACTTACCAAGCGGCTACAAAGGCTGGGCTATTACTTTAGTGGTGA
 AGAGCGGAGGCTGGCTGGGACAGCTAAGATCAAAATCGGCTAGCATATAA
 TAGCCACCAATGCAATAGAGTCAAGGGGTGACATTACCAAGAGCTAGACACA
 GTAAATGACACAGGGATGAAGTGTGAAGAGAGGGGTGAGGATAGAGAGCAA
 GGCTCGTACATATTAAGAGGGCTAAGAAAGAAATGGGCATGAGGACAGGGG
 AGCAGGCGGACAGAGGAGGGAGAGGTAAGGTAGAGTGAAGGCAAGGAGGATAC
 CTACAGCGGCTGCAAAATGCAAGGTGACAGAGAGGATTTACTATGAGGT
 GCTGACGGCAGAGGTTATGGGCTCCAGGATGCTATCAACATCAGCAAT
 CATTCAGGGAGATGAAGTATGACTGGGCACTCTATGAGGAAGAGCCACTG
 AGAATAACACAAATTTGAGGTATTAAATAGCGCTACTCATATGCAAGAGCT
 GCGAAGAGTGCACAAAGAAATTGATGACCAAGGACAGACAGCCAGAGGCAA
 TTCAATTAGGCTTACAAATAGCTAGAGAAAGCCCGGCTGCAAGTGGTGTGGCG
 AAGGTGAAGGGGTGGAGAGGTGACCGATGCTTATGAGAGCTATGAGAGTAT
 GATGTGTGGGAGGCTGCAATAGGAGCCCGCGAATTTATGATATGCCAGGG
 AAGATGAAGAGCTAGAGGTGAGGCTGCTGAGAGCTGAAGTGGGGGAGGTG
 TGAGAGGCTGCGGCAATAGAAACAGAGGAGCGGCTGCAAGAGTTATCGGG
 GCTTTGAGCAAGGGGAAACAGCGCTGCTAGTGGCTGCTGCTAGGTTGGGTGG
 GTTACGAGGCTGTGGTGAAGAGGACAGTACCAATAGTGGCTGACATATAT
 AGAATTAAGGATGAAGAACTTTGGGAGAGGAGCGGCTGGAGTATTCAGC
 AGATGAGCTGCAAAACAGCGGAGAGAGTGTGAGCTGAAGAGAGCTGTGCGCAC
 AGCAACTGAAAGAGGCTTGGAAAGGCGAAGAAATTTATGTCAGAGAGCGCC
 TTGAAATTCGTAAGATCAGAGGTTGAGAGGCTCCCGAGACAGAAATTTAG
 AAGCAAGTCCAGAGAGAGCTCAGCGGCTCTTTTGAAGAAATTTTGGGCT
 ATCTGTGACAGACAGTATGCTACATAAGAGAAATATGCAATTTGCGGGGCTG
 CATAGCTCTCTGTAGCAATAGTATCAAGAGAGAAATTTGGGGCAGGAAAGCTG
 CTTCGGCTTCAATGATCATGAAGTGGATAGCAATTTTCCAGCGAAGGGCTGG

Фиг. 7 продолжения

CTGGAA1GGTGAACAAGCTGCTSTAGACTTGGTGGTATATTATCTGATC
 AACAAACAGATTTCRAAGGTGACAAAGACACCCCAAGATGATGGAAAGAA
 GTTCGTAGGAGCCCTGTTCCTGTGAGCTCTGGGCAATTACACATTAAAA
 ATTTTAAATAAGTCAACACTTGAAGGCTTAGTAATGCCAGCATTGAACCTAC
 CTAGCCATATGCCAGGGGCTGCACTAAATAATTTGTGCCCTACTAAATTAGA
 GAGCTTAGTAATAGTCTCAACAACGATCTACAGGACCTACCTCTCCATT
 AGAAAGGCTCTAGTCAAGGACTGGCTGGCTTAGCACTGAGCTCAGCTATG
 GAAATTATGAATCAGAAATCAATATCAGTGGCCATTGGGGTGGCATTGGG
 AGTGGGTGGCATAGCTGCCACAAATGGATGGAGAGCAGGAGGCAAGAGA
 GGACCCCTCTTGATGAAGGTATTTCTCAAAAACCTTCTAGACAGGAGGAGG
 AGAGAGGAGCTGGTAAAGAGAGAGCCAGAAAAATAATAGTGGCAGTATT
 TGAAGCAATCCAGAGAGCAGGTAAATCCATAAGGCTAATATACCACTAT
 ATGCCATGTCTTCAAAAAGGTGGAAAGCCCTCCAGATAGCAGATAAGACA
 GCGGGGAGGAACATATTGCTGTGACAAATTCGAGGGTTAGAACTGTT
 GGGCTAGACAGAGGATTCCAAAGTGGAGGGATTGAGCTCAAAATTATTAG
 TGGATGCCATCAGGAAAGCTGATGAATAATTGACTAAATACTCAGAAAC
 AGCAGCAAGTCAATTAATCAAAATCTTGGTGGCAGCTGCATCTCTTGGAG
 GAGATTCAAGAGAGACAACAAGATTGGATGGCCACATTTAAATTTTGATT
 ATTACGAGATATATTGTGCATGTGGGTACCGGAGGAGAGTGGTAAAACT
 GTGATCGAGCCAGTCACTGGCAGACTTTGGAAGAGAGAGGGCCCTGAGTT
 CTGCTTCAACAGGGGAGTAACGCCCTGGCAAAACCAAGAGTTGCAAGTT
 ATTACTCAGCTGGAGAGCCAGTTCTCCAGTGGTAAAGAGAGGGGGTT
 GGCAAAATCTGGTAAGGGGGGTGACAATCCAGATGCATTATGACACAA
 CAAGTACTGGCCACTGACAACTGGCAAGTGGCATTTCAGGGCAGTGACGA
 AGATATTACAGATTACGAGGGCATAGGGTACCAAGAAACCATATCTGGGA
 AGCAGGCAAACTACAAAGCACTGGGTGAAGGGGTGATGGGTCAAGGATTAC
 AAAAGAGGGCTTGAAATTTATAAGATGCCAGAAAGGGATCGCGTATACGA
 CCAATCTAAACTTAACCCACATCCAAAAGCTGGTGCAGGTGTGCAGATG
 AATGAATTGCAAGAGGGGCTCAAACTGAGAGCTTGGATGGGGACAGCTG
 GATTAACTGATGGGATCATGCAAGATGTGGGGGGCAAAAACCAAGCT
 TGGAGAGAGAGCTATACCGGAGAGCATACGAGGAGGATGCCCTGGAAAGG
 CCCAGTGTGATCTGTGAAACAGGGGAGCTGGACATCAAAAAGTGGCGT
 AATCAACAATCCAGTTGATCAGGAAACCGTCTTCAAGTAGTGGAGAAAG
 TGATATCTAAACTCGTCAATACAAATGTAAATAAGATAGGATTCAAGGA
 GCTGTATTTCCGGGAGGCAACAAGAAATGTGAATTCATTGAATGAGCACAT
 AGAAGATAAAGACAGTAAACCATACATCTTCATATGCTCTTCCGACAAAG
 CAATGTCCACAGAGTAAAGGCTGCAAGGAGCATTAAAGAACTCAACACA
 AATTGGCAATAGTAGCCGTAAATTTGGCCAGGGAAGGGAATTGATCAT
 AATAGTACTAGGAGAGAGTACCATGAGGACATCTACAAACATGCTGACT
 TCAAGGGGACTTTCTCTGACAGGAGGACACTGGAGGCCCTGTGCAAGGGC
 AAGCCTGTAAAAAAGACATGACTAGGAGAGAGGCTCAATATCTGCTGGA
 AAGAGGCTTAGTGAAGACATAGAGGTACCAAGATGGCTGGATCTGAAA
 AACCTATGTTTTGGATGTAACCAAAAGTGGTGAAGACATACCATCTGTTA
 GGGGATCTAAATCACTTGAAGGCAGAAAGCCGAAGAACTTGGTCCCAAGGG
 AACCACTACAATAAATAAGTAAAGGAGAGCTATACAAATGAAGCTCAGTA
 CATGGTGGAGAGTGAAGAACCCCACTTCAGACCCCTGTTCAGGAA
 CTGCTGTTAGGGTGCAGGGCATGCACTAGGGAGGAGTATAAGAGCTGGCAT
 TTTGTAGGGGTACACAAATGGCCGAGGAAACTGGAAACCACTAGCCG
 CTGTGGTGCAGCTAGGAATATAGCAGCAAAAAGAGCAAAATGCTGGCA
 TATGAAGCATATATCACTTAAGAAATATGGTGAAGAGCTAAAAATAGA
 GAAATCTGGAGTGTGCAAGAGAAACATCAGTGGCTCTTAATAAAATTA
 AAAAACAAAGGGGAATTAGGCTTGAAGAAATCTGATCTCTGTGGAGTGT
 GGGGATCACGTGGTACAGAAAGAAAGAAATTCACATTTACAAACAACA

Фиг. 7 продолжения

© 1997 by International Technology Corporation

SEQ ID NO: 2, negative control: a SH-K nucleic acid by LNCa

[illegible]

Sir,

[illegible]

Fig. 8 продолжения

Фиг. 8 продолжения

[illegible]

От. 6 продолжения

SEQ ID NO: 3. anti-oxidative neuroprotective oligopeptide

MEFKILNNTKKKNNNEEEAEGNMFWRMVRRPPPPSCYEPTYNLSGTPSPSP
 MHPPFLKQSTLRPLFMVRDIAIVGCELNKLPKQDCTKCHANPTSIGIYNL
 GAVFYKDYEGEVYHRVPLEHCEEQQQDCEVVKRVGRMTASDGSLSVGLVCS
 DDCVLFERNRGEHTVLKWKYKPIGAPLWVGSQSEKGAAPKPKSKQONDR
 MAPGKAVTKPKKEVEADOKTRPPDATVVDGQKYQVRKKQKAKPKCTPDGLY
 HMKKPKFASRPMKLEKALLAWAVAHILQQTANNNVTQWNLVSDKNATDV
 HSMVHQRCIKRSLHGIWPERICKGVPGHLATDYELKRIEGLDASEKTNF
 TQCNLRHKEWNRKHWGNWYNIDPYVAVMNRTOALLSSQGNFTECAVTOYR
 DTEQQINIVTOARMPTILTQCKKDVNFSPQGEVRTGPCNYELKPEDLMR
 ILDHTNCKDPSYFDEGLVDQFTEATEKIRSSQYRALSWLQOKLEKTKKV
 FGAEATPYCNVTRRVFNHYTNNGTPAGLPDNRIVGPGTFOISEMENKK
 LLPNLDYHLADFMVGLVALSDFAPEASTIVLVHPVLPQAEVHTLDTF
 LDTNKLNLTRNRQVSSVVPNSWLGQQLVYVKPRWWPYSAEITVASGLT
 TVIDLVKTHIELVSLWTEATAVAFLAALIKIFRGQPIQALAWLIIGGA
 QGLECNFELQYALAGNTSMISLOPTALKTOYVQAADQVKITDQVTVICN
 KQIFSVTPRCKEAPVRYLAINHPRSLSTSAWFKKHDPACHPTETLMGEK
 GRAYLQPCGATPLPKPKVFPFNPIQSSAFSLTOPKMWGGDIECNLLSPD
 ILAETIYTFKHKPKYKEEPYCSYTKVVDGYLRNVHLWGHDTCVAGDIN
 OSQDQSVTKQKVCQYEPNSATDLPOYPGYCTKRGTYLIRYKQVQVCEVG
 QVRIGSKQVECTIGSTRVKVEQTSNELQPMFKPKVYSSGQPPNPKTF
 KWSYTLNKKYVEPRDEFFQOYITSGGYQYWFDTAKDHYMDWVTRYFPI
 VVALGGRAVILWLIAYELLNHYQVSGADONTLLQAEALVGNILMTRDL
 VMVCPLLLMLVLRDQARRALALVHVMVMMHFAAGSAIATLYYVIGYRAE
 EGVNSDSSIDAMVALLFLYHTLKERDLHTAMTLLTFSEKSTQYVD
 THYYEIPMLFTVSLVSGYMFNHHKTKWVALVLSMYGMVTFIROLWLI
 RNIQITPRSIPLTYISPKLIHVLVSLTVLVNNNLQASVIRAOPLM
 SYLTWVQDILMLLVLLPWYELKVVYLLKKKKDIEDCFQYSGIATQGLSP
 YNQDFVDPKEGVHLIPSONKSNFTRTAYILRALVLAFASSWKPILA
 ELLLESYYTHIKVAKVAGSTRIGRPVAAELIENWYFDOKEAARYKKF
 PVLTSRVRLMVKHKGNDTMRONFEETEIFGLQKVALVRAHSLTADSN
 SILQSVCEKQDNIAKRVCPKQDNRTGKKGMTLAEFEKYYKKIYLVQ
 GONTQAYRREERGEVITYTARGAFFLRNLPLATKNKYLVGNLQMELOOL
 ESMGVIRGPAVCKKIVHERCHPTIPDKLMAFFGLMPROVVPRAPTRF
 VSLKIKROFETQWAYTHPGGSSVMHYTAOLDMYVNDAMGRTKVQOGER
 NKLTDECEYGHCTDGGCEGARCVMNPEAVNIAGTRGAMVHLRKTGPEF
 TCVTAGSTPAFYNLRLNKGWSQLPIFEAATORVVGVRVKAGKNAEDSPTTI
 MSQTAAKPTIECDLESVVRKLETMNRGEFKQYVATGAGKTTLPKRLIE
 AVGRNKRVLVLIPLRAAAEGVYNMRTKHPSIAFNLRIODLKEGDMATG
 TYASGYFCQMCMPLDAAKKEYNYPLDEYHCATPEGLAYMSKHRIKA
 DLRLVAMTATPAGAVSKVGGKFSIEEVVPEVMKGEDLGEDYLDIAGUKI
 PKSELOGMVLTFVPTKKLASDTAKKLTGQYNAGYFFSGEDPSSLRTITE
 KSPYHATNAIESGVTLPLDITVIDTGMNCEKRVRIENKAPYHTGLKR
 MAITTGQAGRKGRVGRVKPGRYLRSPENAGGERDHYDQLQAGRYGLQD
 AINTKSPREMNYDIALVEEDPLRITQLEVLNILLISKDLPTVTKNLMT
 TTHPEPIQLAYNSIETPVPLFPKVKGGEVTDAYETVELMMCRKLNDPP
 ILYATEDETRLAVDLLNKPAPVSTASAIETEDALNKLSELSAGETALLY
 ALLGWVGYEALVRRHIPVTDIYTIEDKLEDTHLQYSPQELONTETVE

Fig. 9

LKDL SAHELKEALESSGKSYVKDAFEFVKSDVEKLPDTHYKQVDEKSPGL
 LENFLAYLSEHSSDINKYGLWGVHTSLYNSIKERLGHETAFASLIKWA
 FSESEGLPGMVKDAAVDLVYYLINKPDFKSDKDTDDGGRKFVGAIPVSAI
 ANYTFKNFNKSTLEGLVMPALNYLPYAGAAIKIFVPTKLESVLSTTIY
 RTYLSIKKSSSGLAGLAVSSGMEIMNONPISVAIAVALGVQIAAHNAI
 ESSEAKRTLUMKV/PYKNFLDGAATDELVKENPEKIMAVFEAIQTAGNFI
 RLPHLYAMFYKGVNASGIADKTAGNIFVLTFEGLELLGLDKISKWRD
 LSSHYLVDAIRKLEHKLTKILRNTTKSLIKSLLPAPFSCTRFTRDNHIGW
 PHLNFQDYEINCACGYRRRVVKTWDPVTWETLEECPEFCFNRGTNALA
 NRRVASYYSSAGEPVLVVKREGVGEIDVRGVTIQMHYDHNKLATDNWQV
 PFGAVTKRFTDYGKGYOEAYLGTCPNYKALVKRSSVTITKEGLKPIRCK
 KGIAVTTNLNLTHGKLYQVCRMNELQEGVIFETLOGDTWNYMAIEDV
 GATKPSLERESYPKPYEEDFLEGPSVIVETGDVDITKVGQVNOQSSSSQTV
 PQVVEKIYTKLVNTINVIKGFKEGCFPGPTKNVNSLNEHIECKDSKPYIF
 ICSSDKAMSHRVKTAARNIKLNTNSAVARNLAREGKLHVLGEKYHED
 IYKHADFQGTFLDRKALEALSKAKPVKKNMTRREAQYLLEKKLSSEIEVP
 EWLGESEKPMFLDVKTSOETYNLLGDLNHLKAQAEQLGAKATTTINKVGT
 YTMNLSTWVESERTPTFRPLFGELLRCRPCTREEYKSCHFVGATOLAGG
 NNAKPVAPVHLSTIPAKREKCLPYEAYISLKNMVENLKENPOVCKKKHQ
 VALLNKIKKQDELGLKLNLYSPGSGVGGSHGYRKKFNIYNKQITSMLAVG
 KPERFPVVRADTSKREFHCAIREKIDKLNPQNRDLHKLKEIFDSVCAV
 KDLKHTYEEVSWDVLTVGINRKGAGYFEKKNVGEIDTDRRGVEKLIKV
 MKTGGPIDYYETAIPNNEKRAVYDQALEGDFVEEKKPRVIGYPEAKMRLA
 ITKMYNWWKQKPYVMPGYEGCTPLFVVFQKVFDEWVKQLRDPVAVSFDTK
 AVDTGVTPEDLQISEIQKYYPKPKYHKFJETLTAEMKEVPYVQDQGEVY
 IRLGQRGSGQPDTSAGNSMLNVLTMIAFCCKNDIPYKAFRRVAKHVOG
 DDGFLITERRLGENFAAMQPCILMEADKPKLYGEMSLKLAYKFGDIEFC
 SHTPQVRWDCNTTSYLPGRDTATILAKMCTRLDSAGERGTSSYELAVVF
 SFLMYSNFVRRICLLVMATGVKDPKSGTIFTFSGDPLGAYKEVIG
 HRLGQLKQTEFSKLASCNLSMELLGIYSRHTSKRIEDCVKIGTLNRQSP
 VNAQRUARKTGQVYEPSSRGSVRVGKHVEELELDKWKKTPLIEGAERY
 PGPITFILKRLKVLQMGKFF*

Фиг. 9 продолжения

a) SEQ ID NO. 4: *Npro* *neomalpycy* LINDA

MEFKILNNTKKKNNNEEEAEGNMFWRMYRRPPPGCYEPTYNLSGTPSFOP
 MHFFLRKGSILNLPYHNGIATVGCCELKMLPKKDDGTCCHAMPTSDIYNL
 GAVFYKDYEGEVYHRVPLEHCEEGQRCFVWKRVRMTASDGLVGVLCV
 DDVLFERRNGEHTVLKVVKNPIGAPLWVSC

b) SEQ ID NO. 5: *Core* *neomalpycy* LINDA

SDKQAKPKNKSKQONDRMAPQKMYTKPKVEADOKTRPPDATVVGQRY
 QVRKGSKAKPKTPDGLY
 HNKPKPEASRKLEKALLAWAVAILIOOTTA

c) SEQ ID NO. 6: *Erns* *neomalpycy* LINDA

NNVTQWNLWOCKNATDV
 HSVMIHQKRSUHQWFERICKQVPGHILATDYELKRIEGLDASEKTNF
 TCORLQRNEWKHHGWONWYNIDPWVAIMNRTOALLSSGONFTCAVTCRY
 DTEQQNNVTQARMTPTILTQCKDVNFSFSGEVRTGPRNYELKPEDLMR
 ILDHTNCKDFSYFGGLVDDFTTEATEKIRSSGYRALSGLQCKLEKTKKKV
 FQAE

d) SEQ ID NO. 7: *E1* *neomalpycy* LINDA

ATPYCNVTRRVFNIIYTNCTPAGLPDNTRVGPGTFDISEMENKK
 LLPKLOYHLADFNALGLVALSDFAPETASTYLVLYHVSFQAEVHTLDP
 LDTHKLNLRNRQVSSVYVNSHVLGGQLVCVKPRWWPYSAEITTVISLT
 TVTDLVYKTIEELVSLVTEATAVAFLAALIKIFRGQPIQALAVLIIGGA
 QQ

e) SEQ ID NO. 8: *E2* *neomalpycy* LINDA

LECNFELOYALAGNTSMBLLOPTALKTQWYQAADGVKITDGVVTVION
 KGIFSVTPRCKEAPVRYLAINHPRSLSTSAYFKRIHDPADHPPTETLMGEK
 GRAYLCPCGATPLPKPKVPIINPTIQGEAFSLTCPKNWGGQIECNLLSPD
 TLAETTYTFRKHKPYKEEPCSYTKVVDGYLRNVHLWGHDTCAAGDIN
 GGQDDSVTKCKWGGYEFNSATDLPDYFIGYCTKRSTNYLIRYKQVPCENV
 GVRIGSGKVECTIGSTRVKEQTSNELGPMPCPKPIVSSQGPNNPKCTF
 KWSYTLNNKYEFHDEFFQQTTSQGYGYWFDLTAKGHVMDWYTRYTFN
 VVALLOGRAVLMLIAYELNHYGVGA

f) SEQ ID NO. 9: *P7* *neomalpycy* LINDA

DGNTLLQAEALVIGNILMTRGLE
 VMVCFLLMVLIRQDARRALALVFHMMVMHPAQSAIATLVYVIGVRAE
 PG

Dir. 10

g) SEQ ID NO. 10: NS2 *neemipycy* LINDA

QVNSDSSTQAHVVALLLFLIYHTLKERDLHTAMTLLLTFSIKSTDYVD
THYYEIPMLFTVISLVISVIFNIHKTKAVLVLEMVGMVTFIRDLWLI
RNIQITPPSIPLTYISPKLIAYLVSLVLVNNNLDLASYVIRAGPILM
SYLTWVQILMLLVLPWYELIKVYYLKKKKDDIEDQFOYSQIATQGLSP
YNQDPVOPKEGVHLIPSQNKSNPTRTAYLTILRALVLTAFSSMKPLILA
ELLESYVYTHIRNAKEVAGSTRIGRFVAALIELNWVFDDEKAARYKKF
FVLTARVRLMKVYKHKVQNDTMRQWFEEETIFGLQKVALVYRAHSLTADSN
SILCSVCEESKQNEAKRVQPKQNRSTSIKQGMTLAEFEKYKKYLVQ
GQNTQAYRREERGEVTTYTARGAFFLRNLPLATKKNYLVGNLGMELQGL
ESMGWIR

h) SEQ ID NO. 11: NS3 *neemipycy* LINDA

GFVCKKVMNERCRPTIPDIQLMAFFGLMPRGVVPRAPTRFP
VSLLKRRGFETGVAYTHFGGSSVMHVYTAGLDMVNDAMGRTKVQCCER
NKLTDCEYQIKTDSQCSEGARCYVINPEAVNIASTRQAMVHLRKTGPEF
TCVTAQOTPAFYMLRNLCQWSGLPIFEAATORVVQRVKAGKNAEDSPIT
MSGTQAAKPTCEDLESVVRKLETNNRGEFKQVVLATGAGKTTELPRKLE
AVGRHKRVLVLPURAAAGVYNYMRTKHPSTAFNLRIQDLKEGDMATGI
TYASYGYFCQMDMPRLDAAMREYNYFLDEYHCATPEQLAVMSKIHRSIA
DLRYVAMTATPAGAVSRVQOKFSIEEVYVFEVMKGEDLGEDYLDIAGUKI
PKSELQGNVLTFFVPTKKLASCTAKKLTQQYNAGYFSGEDPSSLRTITS
ESPTBATNAE SGVTLFQDLTVIOTGMKCEKRVRIENKAPYITGLKR
MAITTGEOQDRKQRVGRVXPKORYLQGPENAGGERDYHYDLQACRYGLQD
AMITKSFREMNYYDAVLYEEDPLRITGLEVLNTLLISKDLPTVTGNLMTR
TTHPEQLAYNSIETPVPVLPKMKGEVTDAYETIELMMCKRLNDPP
NYLYATEDGLAVDLLNLKWPAYSTASAIETEDALNKLGL

i) SEQ ID NO. 12: NS4A *neemipycy* LINDA

SAGETALLVALQWAVGYEALVKRHIPVTDIYTIEDKLEDTTHLQYSPDELONT
ETVELKDL

j) SEQ ID NO. 13: NS4B *neemipycy* LINDA

SAHELKEALESQKSYVKDAFEFVKSQVEKLPDTKIYKQVQEKSPGL
LEKFLAYLSEHSSDIKKYGLWGVHTGLYNSIKERLGHETAFASLIKVBA
FSSEGLPGMYKGAADVQVYYYLINKPDFKGDKDTQDGRKPVGALFVSAL
ANYTFKNFKSTLEGLVMPALNYLPYAGAALKIFVPTKLESVLVLTSTTY
RTYLSKKKSSGGLAGLAVSSGMEIMNQNPISVAVVALQVGNAAHNAI
ESSEAKRTLLMMQVYKNFLDQAATDELVKENPEKIMAVFEAQTAGNP
RLIYHLYAMFYKGNWNASQIADKTAGRNIFVLTIFEGLELLGLCKDSKWRD
L

Фиг. 10 продолжения

k) SEQ ID NO. 14: NSSA necthelipcy LINDA

SSNYLVDAIRKLEKLTILRNTTYSLSKSLPAPFSCTRFTRONRIGW
 PHLNFDYYEINCACGYRRRVNKTWIDPYTWETLEEEGFEFGFNRGTNALA
 NPTVASTYSEAGEPVLVYVKREGVGEILVROVYIQMHYDHNKILATDNWQV
 PFGAVTKFTDYCGIGYQEAYLGTQPNYKALVGRSSVTITKEGLKFIRCK
 KGIAVTTNLNLTHQKLVQVCRMNELGESVIPETLGGDTWNYMAIEDV
 GATKPSLERESYKPYEEDPLEGSPSVIVETGDVDITNIVGVNQSSSSSGTV
 FGVEKPYTKLVNTNVIKQGFKEGCFPGPTKNVNSLNEHIEDKDSKPYIF
 ICSSDKAMSHRVKTARNIKLNTNSAINARNLAREGRLIEVLGEKYHED
 IYKHADFEGTFLDRKALEALSKAKPVKKNMTRREAQYLLEKKLSIEDIEVP
 EWLOSSEKPMFLDVTKSGETVHLLGDLNHLKAQAEQLGAKATTTINKVOKT
 YTMNL

l) SEQ ID NO. 15: NSSB necthelipcy LINDA

STWWESERTPTFRPLFQELLRCRFPOTREEYKSCHPVQATOLAGOMAKPV
 APVYHLSTIPAKREKCLPYEAYISLKNMVENLKIENPGVCKKKHQWLLNK
 IKKQGEGLGLKNLVSPGSGVSGSRGYRKKEFNITNKKDITSTMLAVGDIKPEK
 PVVPAQTSKREFHQAIKEKIDNLPNPGNFRDLHKLKEIFQSVCAVKDLKH
 TYEEVSWDNLTVGINRKGAGGYFEKQNVGEIIGTDRROVEKLIKVMKTOG
 PIDYYETAIPKNEKRAVVDQWLEGGDFVEEKKPRVQYFEAKMRLAITKYM
 YNWYKQKPVVIRPGYEOKTFLFKVFOKVFDEWKQLRDPVAVSFOTKAWOTQ
 VTFEDLQISEIQKYYPKPKYHKPIETLTAEMKEVPYVQDGEVYIRLGG
 RGGGGQFDTSAGNSMLNVLTMYYAFCKSNDFYKAFRRVAKIHVCEDDGFL
 ITERRLGENFAAMGPQILMEAGKPKQLVGEMGLKAYKFDIEFCSTPI
 QVRWDONTTSYLPGRDTATILAKMCTRLEAGERTGSSYELAYVFSFLIM
 YSWNPVRRICLLVMATIOVKDFDKSGTIFTFGGQPLGAYKEVIGHRLGG
 LKQTEFSKLASCNLSMLLGIYSRHTSKRHEDCVKIGTLNRQSPVNADR
 LIAKKTGPVYEPSSRGSVRVGKNYEELELQWKKTPLEGAEERYIPOPIK
 TFIKKRLKVLQMIQKLF

Фиг. 10 продолжения

Последовательность ДНК была взята из библиотеки

а) SEQ ID NO: 5-478

GTATAGCAGCAGTAGCTCAAGGCTGCTATACGATTGGACATAGCAAAATTC
CAATTGGTGTATTAGGAGCCACCTAGGTGAAGGCCGACGACAGGTAGGCAAT
CCTGTTAGTAGGAGCAACCGTTATGGTGGACTGCTTGGCTCAGGTGAGCAG
GCTGCAATGCGTAAGTGGTGAATACACGACAGCCGTCAAAAGGTGGCAGCTG
GTAAGGATCAGCCACTGAGCGATGCTTGTGGACGGGGGCTTGGCCAAAGCC
AATGTTAGCGGTGGCGGGGGGTGCCATCGTGAAGGCTAGGTCTTGATGGA
CCTTGTGGCTGTACAGTCTGATAGGATGCGGGCGGATGCCCTGTGACAG
CGAGTATAAAGAAATATCGGTGTGATTGCAC

б) SEQ ID NO: 17 Npm

ATGGAGTTTAAATTTCTCAACAACACAAAGAAAAAAATAATAATGAGGA
GGAAGCTGAGGGGGAACATGTTCTGGCGGATGTACGGGAAGAGCTCGCGCTG
GTGCTACGAACCAACTTACAAGCTAAGTGGGACACCTAGCTTGGGACCC
ATGCACCCACCACTGAGGAAAGGGAGTACATTACGTTACCCACTGGAG
AGGCATAGCCAGCGTTGGATGTGAGCTTAAAAAGCTGCCAGCGAAGGGTG
ATTGTACTAAGTGGCAGGCTAACCCAAATGTGGCTGTACCTCAAGCTG
GGTGGCGTGTATTATAAAGATTACGAGGGGGAGGTATACCATAGAGTGGC
CCTTGAACACTGTGAGGAACAGCAGAGGTGGGAGCTCCTCAAGCGTGTAG
GGGGAATGACTGCTAGCGATGGATCCTTGGTGGGAGTGGTACTATGCGGT
GAGGACTGGTGGTGTGAGAGAGAGAGGGGACACACAGTGTGTA
GTGGGTAAGAGAGCGTATCGGGGGGCCACTGTGGGTACAGAGGCTGC

в) SEQ ID NO: 18 Dom

TCCGACGAGAGGGGGGCCAAACCAAAAAACAAGTCTAAACAACAAGCGA
TCGATGGCACGGGGTAAATGGTGACAAAACTAAGGAGGTGGAGGCTG
ATCAGAAAACTAGAGCGGCCAGCGCTACAAATTGTGGTGGATGGACAGAAA
TATCAAGTAAGGAGAGAAAGGGGAGGGCAAAACCAAGGACCCAGATGGCT
GTADCACAATAAAAACAAGCCCGAGGCCATCTAGAAAGAAATTAGAAAAAG
CGCTACTAGCTTGGGCGATGATGCAATTAATTTGATTACGACAGACCACA
GCA

г) SEQ ID NO: 19 E.ms

AACATGTGACGCCAGTGGAACTTGTGGGACGACAAGAACCGAACAGATGT
GCACTCAGTGATGCAATCAGACACAAATCAAGCGGAGGCTCCACGGCATCT
GGCTGAAAGGAATCTGCAAAAGGGGTCCAGGTGATCTGGCTACTGACTAT
GAGCTAAAGCGGTAGAGGGGATGTTGGATGCCAGCGAAAAAACTAATTT
TACCTGTTGCAGGCTGCAAAAGACACGAATGGAAACAAACATGGCTGGTGA
ACTGGTACATATAGAGCCCTGGGTGGGCATTATGACAGGAGCCAGAGCG
GTTCTATCTAGTGGCCAAAACCTTACAGAGTGTGCGGTACATGTAGGTG
TGACACAGAACAGCAGATAAACATAGTAACCTCAAGCCCGCATGACACCAA
CGATTTTAAACAGGCTGTAAAGAGGAGGTAAAGTTCTCTTCTCAGGGGAG

Фиг. 11

GTGAGGACTGGGGCTTSCAAGTATGAACTEAGGCCAGAGACTTAATGAG
GATTCGGACCATAACCAACTGCAAGATTTCAGCTATTTGGGAGAGGGTC
TGGTGGATGATTCACAGAAAGCCACGGAAAAAATTAGATCTAGTGGGTAC
AGGGCCCTGTGTGGCTGCAAGACAAAGCTAGAGAAAACTAAGAAAGAGGT
GTTTGGAGCTGAA

e) SEQ ID NO: 20 E1

GCAACACCATACTGCAATGTGACAGGAGGGTTTTCAACATCATATACAC
CAACAACTGCACCCCGCTGGACTGCCAGATAACACGAGGATAGTTGGGG
CAGGGACATTTCACATCAGTGAATGGAAAAATAAAARACTGTTACCGAAC
TTGGACTACCACTTGGCAGATTCATGGTACTGGGCTTAGTGGCTTTATC
CGACTTTGCCCGAGAACTGCTAGTACAATCTATCTGGTATTGGACTACT
GGCTGGCTCAGGAGAGGTGCATACATTGACACCCCACTTGCACCAAC
AAGCTGAATCTAACAAAGGAAACAGGACGTTAGTAGTGTAGTCCCTAATTC
AATATGCTTGGAGGGGACCTGGTGTGCTCAAGCCAGGTGGTGGGCTT
ACTCAGCAGAAATTACAAAGTGTATTAGCGGACTGACCACTGTAACCGAC
CTAGTGGTCAAGACCATAGAGGAAGTTGTGAGCTTGTGGACAGAGGCAAC
AGCAGTACGCTTCTTGGCAGCCCTGATAAAGATCTTCAGAGGACAAACCA
TACAAGCACTAGCATGGCTCATATAATAGGGGGAGCCAGGGT

f) SEQ ID NO: 21 E2

CTTCAATGCAACTTGGAACTGCAATAGGCTGTGGGGGGSAACACATCCAT
GAGGCTACTAGGGGCAACTGCTTAAAGACTCAATGGTACCAAGCGGCAG
AGGGGGTCAAAATAACGGATGGGGTAGTAAGTGTATATGCAACAAGGGG
ATTTCTCGGTGACTGCTAGGTGCAAAAGAGGCACTGTAAAGTACCTGGC
AATCAAGCACCCAGGTCCTTATCAACCAAGTGGTGGTTCAAGAAATAC
ACGACCCCGGACAGACCATCGGACTGAGACACTGATGGGGGAAAAAGGGAGG
GCATACCTGTGCCCTTGGGGGGCTACACCACTACCAAAACCAAGGTTCC
GTTTAAACCAATCACAATACAGGTTGGGGTTCTCCCTAACATGCCCAA
AAACTGGCAAGGTGACATAGAATDCAATCTCTTAAGDDCAGACACACTA
GCAATTGAACCATATACACCTTCAGAAACATAAGCCATACAAAGAAGA
ACCTACTGCTGTACACTAAGGTAGTGGACGGGTACTTGGCGCAGCTGC
ACCTATGGGGGCATGATACATGTGTGGCAGGAGATATAATCAATGGCACT
CAAGATGACAGTGTGACCAAGTGCAAAATGGTGTGGGTATGAGTTCAATTG
AGCAACTGACTTACCTGACTACCAATTGGTACTGCACGAAGCGAGGCA
CGAATTATCTAATCAAGTACAGGAGGTTGGCTTGTGAGGTAGGAGGAGTC
CGCATGGGGTCAGGAAAAAGTAGAGTGTACCATTTGGCTCCACGAGAGTAAA
AGTAGAACAAACAGTAATGAGTTGGGTGGATGGCTGCAAGCCAAATAG
TATATTCTCTCAAGGACCGGCTAATCCAAAAACGTGTACATTCAAAATGG
AGCTACACATTAAACAAACAGTACTACGAGCCAAAGGATGAAATCTTCCA
ACAGTACATAACCTCAGGTGGCTATCAGTATTGGTTTGAAGTGCACAGCAA
AAGATCACGTGATGCAATTGGTAAACAGGATACTTCCCAATTATAGTTGTA
GCATTACTGGGGGGTAGAGCAAGTGGTGGATCCTAATTGGCTACGAGTT
GCTAATGACTACGAAGTGGGGGCA

Фиг. 11 продолжения

g) SEQ ID NO: 22: P7

GACCAAGACACATTGCTCCAGGCCGGAAGCACTAGTGATAGGTAAATCCCT
GATGACAAGAGACCTGGAAAGTGTATGGTGTGCTTTCTGTTCGTGATGGTCT
TGATAAGAGACACACAGGCTAGAAGGGCTTTGGCCTTGGTTTCCATTGG
ATGTAATGCAATCCCGCCCAATCAGGCCATGCAACATTGGTGTACGTAAT
AGGCATCGTGAAGCTGAAGAGGGA

h) SEQ ID NO: 23: NS2

CAGGTAACTCTGACAGTTCTACGCAAGCAGACGTGGTGGGCATTTTGT
GTTTCTAATTTACCACACACTAAAAGAAAGGGACCTTCACACAGCTATGA
CATTAATGTTGACATTTTCCATAAAGAGCACTGAGTATGTAGACACACAT
TATTATGAAATACCGATGCTCTTCACAGTTATTTGGTTGGTCATTTCAT
TTACATATTCAACATACACATAAAAACCAAGTGGGTAGCTCTGGTGTCTCA
GTATGGTGGGCATGGTCACCTTTATAAGGTGGCTTTGGTTGATCAGGAAC
ATACAAATAACACCCCTTCCATAACACTAACATACATCACTCCAAAAAT
ATTGATCATAGCTTACCTGGTTTCTCTGACTGTCTTGGTGAATAACAACC
TAGACCTGGCCAGCTACGTGATCAGGGCTGGCCGATACCTAATGTCTAC
TTAATTTTATGGGTGGAGATGCTGATGTTGCTAGTTCTACTACCTTGGTA
TGAATTGATTAAAGTCTATTACCTAAAGAAAGAAAGAACGACATAGAA
ACTGCTTCCAATACAGCGCGATAGCCACTCAAGGCTTATCCCGTACAAT
CAGGACTTCCGTGGACCCAAAAAGAGGGGGTACACTTATCCCTTCACAAAA
CAAGAGCAATTTACCCGGACCGCATATCTGACTATCCTGAGGGGCCTAG
TTCTCAGACCTTTCAACAGCAATTTGGAAGCCCTTAATCTACCCGAAGTG
CTATTGGAATCCATTATTGACACACATCAAGTTGCAAAAGAAAGTGGC
GGGATCTAGSAGGCTTATAGGTAGGTTTGTAGCGGCCCTGATAGAACTAA
ATTGGGTTTTTGTGATGACAAGCAAGCAGCAAGATACAAAAATTTCTTTGT
TTAACCCTCAAGAGTGAAGAGCTCATGGTAAACACAAAGGTGCAAGACGA
CACAATGAGGCACTGGTTTGAAGAGACGGAAATATTGGCTTACAAAAAG
TTGCCCTTGGTGGTCAGAGCAGCTCACTGACAGCAGACAGCAACATATA
CTATGCTCAGTGTGTGAGGAAAAACAGAACATAGAAAGCCAAAGAGGGTATG
TCCCAAGTGTGAAACAGAGGAAACAGGAATCAAGTGTGCGGATGACCTTGG
CTGAGTTTGAAGAAAAATATTACAAAAAGATCTATCTAGTGGATGGAGAC
AATACGCAAGCATATCCAGAGAGGAGAGAGGAGAGAGTCAAGTACACAGG
TAGGGGGGCCCTTCTTCTGAGCAACTTACCCATTCTGGCCACAAAAACA
AGTATATACTGGTAGGTAACTTAGGTATGGAATTACAAGACCTTGAGTCC
ATGGGGTGGATTATCAGG

i) SEQ ID NO: 24: NS3

GGCCCAAGCTGTCTGCAAAAAGATAGTCCACCATGAACGGCTGCAGGCCAC
CATCCCTGATAAACTTATGGCTTTCTTTGGGCTCATGCCAAAGAGGGGTAG
TCCCGCGGGCAGCAACCGGCTTCCCTGTATGATTACTGAAATTAAGAGG
GTTTTGAAAGCGGGGTGGGCATATACACACCTGGAGGGATCAGCAGCGT
AATGCATGTAAACAGCAGGCTTGGACATGTACGTCAATGATGCCATGGGT
GAACCAAGGTGCAAGTCCCAAGAGAGAAACAAGCTGACAGACGAATGTGAG
TATGGCATTAAACTGACTCAGGCTGCTCTGAAGGGGCAGGCTGCTATGT

Фиг. 11 продолжения

AATAAATCCC GAAGCCCTCAACATAGCAGGCCACCAGGSGCCGTATSGTAC
 ACCTCAGAAAAACAGGTCCAGAAATTTACCTGTGTGACAGCCGAAAGGAACC
 CCAGCCCTTCTACAATTTGAGGAATCTTAAAGGTTGGTCAGGGCTACCAAT
 ATTCCAGGGCAGCTACGGGAAAGGGTGGTACGGCAGAGTGAAAGCAGGGGAAGA
 ATGCAGAGGATAGTCCAACTATAATGTCTGGCAGCCAGGCAGCCAAA
 CCGACAGAGTGTGACCTGGAGTCCGTCTTAAGGAAGCTGGAAACCATGAA
 CAGAGGGGAGTTCAAGCAGGTGGTCTAGCAACTGGGGCAGGGAAGACAA
 CAGAACTGCCAAGGAAGCTAATAGAAAGCCGTGGGGCCGACAAAGAGCGTT
 TTAGTCCTAATCCCCCTGAGAGCAGCAGCAGAGGGGGTTTATAACTATAT
 GAGAACAAAGCATCCAGCATAGCATTCAAGCTGAGGATAGGGGACTTAA
 AAGAAGGAGACATGGCAACTGGTATAACTTATGCCTCATATGGTTATTTT
 TGTCAAATGGACATGCCACGGCTAGATGCAGCTATGAAAGGATACAACTA
 CATATTTCTGGACGAATATCATTTGTGCAACACCAGAACAAATTTGGCTGTGA
 TGTCAAAAATACAGGGATCATGTGCTGACCTAAGAGTGGTGGCCATGACA
 GCTACCCCTGCAGGGCGCTGTGTCAAAGGTGGGCCAGAAATTTCTCATAGA
 AGAAGTGGTGGTGGCCAGAGGTAAATGAAGGGGAAGACCTAGGGCAGAGATT
 ATTTGCACATAGCCGGACTAAAAATACCAAAATCCGAACTACAAGGGAAAT
 GTCTTAACGTTTGTTCGACAAAAAAGTTGGCGTCAGACACTGCTAAGAA
 ACTAACCCAGCCAGGGCTAGAACGCTGGCTATTACTTTAGTGGTGAAGACC
 CAAGCTCGCTGGCCAGCATAACATCAAAATCCCGTACATCATATAGGC
 ACCAATGCCAATAGAGTCAGGGGTGACATTACCAAGCTAGACACAGTAAT
 TGACACAGGGAATGAAGTGTGAAGAAGGGGTGAGGAATAGAGAACAGGCTC
 CATACATAATAACAGGGCTAAAAAGAAATGGCCATCAGCAGAGGGGAGCAA
 GCCCAGAGGAAGGGAGAGTAGGTAGAGTCAAAACAGGGAGATACTAAG
 AGGGCTGAAATGCAGGTGGAGAGAGAGATTATCACTATGACCTGGTGC
 AGGCACAACGTTATGGCTCCAGGATGCTATCAACATCACCAATCATTC
 AGGAGATGAAGTATGACTGGGCACCTATGAGGGAAGACCACTGAGAAAT
 AACACAATTGGAGGTATTAAATACCCTACTCATATCCAAAGATCTGCCAA
 CAGTCADAAAATTTGATGACCAAGGACACACACCCAGAAACCAATTCAA
 TTAGCTTACAATAGCATAGAAACCCCGTCCAGTCTGTTCCCGAAAGT
 GAAGGGTGGAGAGGTGAACCATGTTATGAGACCTATGAAGTATGATGAT
 GTCGGAAGCTGGATAACGACCCCGGATTTATCTGTATGCCACGGAGAT
 GAAGACCTAGCAGTGGACCTCTGAACCTGAATGGCCGACAGTGTCAAG
 AGCTCGGGCATAGAAACAGAGGAGGGGCTCAACAGTTATGGGGGCTT

j) SEQ ID NO: 25: NS4A

TGGGCAGGGGAACAGCCCTGCTAGTGGCTGTGCTAGGTTGGGTCCGTTA
 CGAGGCTCTGGTGAAGAAGACACATACCAATAGTGACTGACATATATACAA
 TTGAAGATGAAGAACTTGAGGACACACCCAGCTCCAGTATTCACAGAT
 GAAGTGCAGAAACACCAGACAGTGGAGCTGAAGACCTG

k) SEQ ID NO: 26: NS4B

TGGGCACACGAAGTGAAGAAGCCCTGGAAAGCGGAAAAAGTTATGTCAA
 AGACGCCCTTTGAATGGTAAATCAGAGGTTGAGAGGCTCCCGGACACAA
 AAATTTACAAAGCAAGTCCAAAGAGAAAGTCACCCGGTCTTTTGAAGAAATTT
 TTGGCCTATCTGTGAGAACACAGTAGTGAATAAAGAAATATGGATTGTG

Фір. 11 продовження

GGGGTCCATACCTCTCTGTACAATAGTATCAAAGAGAGATTGGGGCAG
 AAACCTGCCTTCCTTCATTGATCATCAAGTGCATAGCATTTTCCAGCCGAA
 GGGCTGCTGGGAATGGTGAACAAGGCTGCTGTAGACTTGGTGGTATATTA
 TCTGATCAACAACCAAGATTTCAAGGGTGACAAAGACACCCCAAGATGATG
 GAAGGAAGTTGGTAGAGCCCTGTTGGTGTGAGCTCTGGCCAAATTACACA
 TTTAAAAATTTTAAAGTCAACACTTGAAGGGCTTAGTAATGCCAGCATT
 GAAGTACCTACCATATGCAGGGGCTGCCTAAATAATTTGTGGCTACTA
 AATTAGAGAGCTTAGTAATCTGTCAACAACCATCTACAGGAGCTACCTC
 TCCATTAAAGAAAGGCTCTAGTCAAGGACTGGCTGGCTTAGCAGTGAGCTC
 AGGTATGAAAATTATGAATCAGAATCCAAATACAGTGGCCATTGCCGTGG
 CATTCGGAGTGGGTGCCATAGCTGCCACACAATCCGATCCAGAGCAGCCAG
 GCAAGAGGAGCCCTGTGTATGAAGGTATTTGTGAAAACTTTCTAGACCA
 GGCAGCCACAGAGGCTGTGTAAGAGAGACCCCAAAAAATAATATGG
 CAGTATTTGAAGCAATCCAGACAGCAGGTAAATCCAATAAGGCTAATATAC
 CACCTATATGCCATGTTCTACAAAGGTTGGAAGCCCTCCAGATAGCABA
 TAAGACAGCGGGGAGGAACATATTCGTGCTGACAATATTCGAGGGTTAG
 AACTGTTGGGACTAGACAAGGATTCAGTGGAGGGATTTG

3 SEQ ID NO: 27: NSSA

AGCTCAAATTATTTAGTGGATGCAATCAGGAAGGCTGATTGAAAAATTGAC
 TAAATACTCAGAAACAGCAGCAAGTCATTAAATCAATTCCTTGCCTGCCAG
 CTCCATTCTCTTGCACGAGATTCACAAGAGACAAACAGAAATTGGATGGCCA
 CATTAATTTTGTATTATTACAGATAAAATGTCATCTGGGTACGGAG
 GAGAGTGGTAAAACTGTGATCGACCCAGTCAGCTGGGAGACTTTGGAAAG
 AAGAGGCCCTGAGTTCTGCTTCAACAGGGGGAGCTAACGCCCTGGCAAGC
 CCAAGAGTTGCAAGTTATTACTCAGCTGGAGAGCCAGTTCTCCAGTGCT
 AAAAGAGAGGGGGTTGCCGAAATGCTGGTAAGGGGGGTGACAATCCAGA
 TGCATTATGACCACAACAAGATACTGCCACTGACAACGGCAAGTGCCA
 TTCCAGGCCAGTGACGAAGATATTTACAGATTACCAAGGCATAGGGTACCA
 AGAAGCATATCTGGGAACCCAGCCAACTACAAAGCACTGGTGAAGAGGT
 CATCGCTCAGGATTACAAAAGAGGGCTGAAATTTATAAGATGCAAGAAA
 GGGATCGCGTATACGACCAATCTAAACTTAACCCACATCCAAAAGCTGGT
 GCAGGTGTGAGAAATGAATGAATGCAAGGAAGGGGTGATACCTGAGACCT
 TGGATGGCGACACCTGGATTAACTACATGGCAATCATCGAAGATGTGGGG
 GCCACAAAACCAAGCTTGGAGAGAGAGTATACCCGAAACCATACGAGGA
 GGATCCCTCGAAGGCCCCAGTGTGATCGTGGAACAGGGGACGTGGGACA
 TCACAAAAGTGCGGGTAAATCAACAATCCAGTTTCATCAGGAACCGTCTTT
 CAAGTAGTGGAGAGATCTATACTAACTGGTCAATACAAATGTAATAAA
 GATAGGATTCAAGGAAGGCTGTTCCTCCGGGACCCACAAAGAAATGTGAATT
 CATTAATGAGCAGATAGAGATAAAGACAGTAAACCATACATCTTATA
 TGCTCTTCGGACAAAGCAATGTSCAACAGAGTAAAGACTGCAAGGAACAT
 TAAGAAACTCAACACAAATTCGGCAATAGTAGCCCGTAATTTGGCCAGGG
 AAGGGAAATTTGATATAATAGTACTAGGAGAGAGTACCATGAGGGATC
 TACAAACATGCTGACTTCAAGGGGACTTTCTCGACAGGAAGGCACTGGA
 AGCCCTGTCCAAAGGCCAAAGCTGTAAAAAGAGATGACTAGGAGAGAGG
 CTCATATCTGCTGGAAAAGAGGCTTAGTGAAGACATAGAGGTACCAAGAA
 TGGCTGGCATCTGAAAACTATGTTTTGGATGTARCCAAAAGTGGTGA

Fig. 11 продолжения

AAATACCATCTGTAGGGATCTAAATCACTTGAAGGCACAAAGCGGAAC
AACTTGGTCCCAAGGCAACCACTACAATAAATAAGTAGGGAAAGCATAT
ACAATGAACCTC

m) SEQ ID NO: 28: N558

ACTACATGGTGGGAGAGTGAAAGAACCCDCCACATTGAGAGCCCTGTTCCA
GGAACTGCTGTTACGCTGCAGGCCATGCCACTAGGGAGCCAGTATAAGAGCT
GCCATTTTGTAGGGGTACACAAATGGCCGGAGGAACTGGAAACAGTA
GCCCTGTGGTGCACCTAGGAACTATACCAAGCAAAAAGAGAGAAATGCCCT
GCCATATGAAGCATATATACACTTAAGAATATGGTGGAAACCTTAATA
TAGAGAACTCTGGAGTGTGCAAGAAGAAACATCAGTGGCTCTTAATAAA
ATTAAAAACAAAGGGGAATTAGGCTTGAAGAAATCTCGTATCTGCTGGGAG
TGTAGGGGGATCACGTGGTTACAGAAAGAAAGAAATTCACATTTACAACA
AACAGATTACGAGCACAATGCTGGCTGTGGGGATCAAGCCAGAGAGTTT
CCAGTGTGACAGCTCAACGCTCCAGAGAGAAATTCATCAAGCAATTAG
AGAGAAAGATTGATAAGCTGCCCAACCCCAAGAAATAGGGACCTCCATAAGG
AACTGAAGAAGATTTTGACTGGGTGTGGCTGTAAAGATTGAAACAT
ACCTACGAAGAAAGTCACTGGGATGTACTGACGGTGGGGATCAACAGGAA
AGGAGCAGCTGGCTATTTGAAAGAAAGAAATGTGGGTGAGATAATAGACA
CTGACAGGAGAGGGGTGGAAGAACTTATCAAGGTAATGAAGAACCGGGGA
CCTATAGACTACTATGAGACAGCAATACCTAAGAAATGAGAAAGAGAGCAG
TGTAGATGACTGGCTGGAAGGAGATTCTGTTGAAGAGAAAAAGCCAGGAG
TGATCCAAATACCAGAGCAAAATGCGTTGGCAATAACCAAGTTATG
TACAATTGGGTCAAGCAAAAACCAAGTGGGTATACCCGGGTACGAGGGGAA
GACACCTTTGTTAAAGTGTGTTGATAGCTTTTGTATGAATGGAACAAC
TGAGAGACCCGGTGGCAGTCACTTTGGACACTAAAGCATGGGATACACAA
GTGACACCTGAGGACTTACAATTGATATCGGAAATCCAAAAGTATTACTT
TAAACCAAAATACCAAAATTTATTGAAACATTGACTGGGGAGATGAAG
AAGTGGCAGTGTGTGCCAGGATGGGGAGGTTTACATCAGGCTAGGACAG
AGAGGAAGTGGCCAGCCAGATACCAATGCAAGAAATAGCATGTTGAATGT
GTGACAAATGATATATGTTTGTGCAATGCAATGACATGCCGTACAGG
CATTCCGAAGGGTGGCAAAAATACACCTGTGTGGCGACGATGGGTTCCTA
ATTACAGAGAGGGCGCTAGGAGAGAACTTTGCTGGCATGGGGCCACAAAT
ACTGATGGAGGCCGGGAAACCAAGAACTGGTAGGAGAGATGGGACTGA
AGCTAGGCTACAAGTTCCAGGAGATAGAGTTCTGGTCCACAGGCTATA
CAAGTAAGGTGGGATGACAACACAACCTAGTTATTTACCAGGCAGAGACAC
GGCAACCATCTTAGCAAGATGTGTACCAAGGCTGGAGTCCGCGAGGGGAGC
GGGTACCAATGCTATGAACTTGGTGTGTGTTTGTGTTTCTCTTAATG
TACTCTGGAAACCAATAGTTAGAAGGATCTGCCATATTAGTTATGCAAC
AATCGGAGTAAAGAGCCAGATAAATCAAGAAACAAATATTCACTTGTGTG
GACAGCCACTAGGGGGGTACAAGGAAGTAATAGGACACCGATGGGGCAA
CTAAACCAAACTGAATTTTCAAAATGGCAAGTTGCAATTTATCAATGTG
ACTGTTAGGGATTACAGTAGGACACCTCAAAAAGAAATCATAGAGGACT
GTGTGAAGATTGGAACCTAAACCCAGACAGAGCCCCGTGAATGACAGTGG
TTGATGCAAGAGAGAGCTGGTTTGTATAGGAAACCTCAAGGGGCAAGTGT
TAGGCTGGGAAACACATAGAAAGATTGGAATTGACAAATGGAAAGGA
AGACGCCACTCATAGAGGGGGGGGAAAGGTACATTCAGGCGCGGATTAAG

Фиг. 11 продовження

ACCTTTATACTGAAAAGACTCAAAGTGTACAGATGATAGGCCTGAAATT
CTTC

n) SEQ ID NO: 29: 3'-UTR

TAATATATAGGAGTACAGCTTACAGCTGTGTTTCACAGAAAGTGGGTGG
CGACACTTACCTCTGGAGCCAACTTGTAAATAGGTTAGTAATATTTATTT
AATAGAGGTTATTTACTTATTTATTTATTTATTTGATTATTTATTAATTA
TTTAAAAAGCTACTGCAATGAGCTGTTAGTCAAGCTTATGAAGTGGGTT
GTGTCACTTGGCTCAGGAGCAATACCTCAATAACAACGCTACCACATAG
CCTGAGACCAAGTTGTGAAGAGAGTTGGCCCTCTTGGCTTGGGAGCTAT
CTACCTCAAGTACCCAGCTGCTGAAGCTGGTTAGCTCAATTCCAATGGAT
GACCGTAGCCATTGGTCTTATTAATTGGGTCAATTTAATTAGCACTTTA
AAGCTAATTTGGACATAAAGTAAGGACGTTCTAGGGAGGACTACTTACAG
TTCCAGAGGGCCCC

Фиг. 11 продовження